

HIV1 ENV	Sequences in the <i>Env</i> Alignment			
COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
<b>SUBTYPE A:</b>				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
SF1703	HIVSF1703	M66533	Evans,L.	PNAS 85, 2815 (1988)
IBNG	HIVIBNG	L39106	Howard,R.M.	ARHR 10, 1755 (1994)
Z321	HIVZ321	M15896	Srinivasan,A.	ARHR 5, 121 (1989)
92RW020.5	HIVU08794	U08794	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92UG031.7	HIVL34667	L34667	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
			Gao,F.	JVI In Press (1996)
92UG037.8	HIVU09127	U09127	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
			Gao,F.	JVI In Press (1996)
92RW009.14	HIVU08793	U08793	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
TZ017	HIVTZ017	U12409	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
D687	HIVD687	X68407	Dietrich,U.	AIDS 7, 23 (1993)
K114	HIVK114	U43097	Reitz,M.	Unpublished (1990)
L414	HIVL414	U43098	Reitz,M.	Unpublished (1990)
P104	HIVP104	U43099	Reitz,M.	Unpublished (1990)
PZ61	HIVPZ61	U43100	Reitz,M.	Unpublished (1990)
UG06	HIVUG06	M98503	Atkin,A.	ARHR 9, 351 (1993)
CI211	HIVCI211	X72037	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
UG275A	HIVUG275A	L22951	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
UG273A	HIVUG273A	L22957	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
VII191A	HIVVI191A	L22952	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ264A	HIVDJ264A	L23064	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ263A	HIVDJ263A	L22941	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ258A	HIVDJ258A	L22939	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
KENYA	HIVKENYA	L22943	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
CARGAN	HIVCARGAN	U43111	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CARSAS	HIVCARSAS	U43171	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CAR4054	HIVCAR4054	U43109	Kieny,M.P.	Unpublished (1994)
CAR286A	HIVCAR286A	U43136	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CAR4023	HIVCAR4023		Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CAR423A	HIVCAR423A	U43139	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CI31	HIVCI31	X72024	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI473	HIVCI473	X72050	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI451	HIVCI451	X72047	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI145	HIVCI145	X72030	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI3291	HIVCI3291	X72059	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI3263	HIVCI3263	X72053	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI201	HIVCI201	X72033	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI3271	HIVCI3271	X72055	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI422	HIVCI422	X72044	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI3301	HIVCI3301	X72062	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CA1	HIVCA1	X80438	Nkengasong,J.N.	AIDS 8, 1405 (1994)
<b>SUBTYPE B:</b>				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
SF2B13	HIVSF2B13	L07422	Cheng-Mayer,C.	JVI 65, 6930 (1991)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNAS 83, 5038 (1986)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59, 284 (1986)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Science 236, 819 (1987)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)

ALA1	HIVALA1	M38430	Buckler-White,A.	Unpublished (1988)
JH32	HIVJH32	M21138	Komiyama,N.	ARHR 5, 411 (1989)
BAL1	HIVBAL1	M68893	Gartner,S.	Science 233, 215 (1986)
YU2	HIVYU2	M93258	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BRVA	HIVBRA	M21098	Anand,R.	Virol. 168, 79 (1989)
91US005.11	HIVFASH11	U27434	Gao,F.	JVI In Press (1996)
91US006.10	HIVHOBR10	U27443	Gao F.	JVI In Press (1996)
BZ167A	HIVBZ167A	L22087	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
MA208	HIVMA208	M79342	Kusumi,K.	JVI 66, 875 (1992)
ETR	HIVETR	D12582	Shimizu,H.	Virol. 189, 534 (1992)
BA1A	HIVBA1A	M63929	Hwang,S.S.	Science 253 (5015), 71 (1991)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
QZ4589	HIVQZ4589	U32396	Blattner,W.	Unpublished (1995)
<b>SUBTYPE B:</b>				
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
ADA	HIVADA	M60472	Westervelt,P.	PNAS 88, 3097 (1991)
JFL	HIVJFL	M31451	McNearney,T.	PNAS 87, 1917 (1990)
SIMI84	HIVSIMI84	L07421	Bex,F.	Blood 8484, 3317 (1994)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
SF162	HIVSF162	M38428	Cheng-Mayer,C.	JVI 64, 4390 (1990)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3, 707 (1989)
SF33	HIVSF33	M38427	York-Higgins,D.	JVI 64, 4016 (1990)
CDC42	HIVCDC42	M13137	Desai,S.M.	PNAS 83, 8380 (1986)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
ENVVA	HIVENVVA	L08655	Andeweg,A.C.	ARHR 8, 1803 (1992)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
WMJ22	HIVWMJ22	M12507	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
TB132	HIVTB132	L03697	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
92BR020.4	HIVU08797	U08797	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
			Gao,F.	JVI In Press (1996)
92TH014.12	HIVU08801	U08801	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
92US711.14	HIVU08448	U08448	Gao,F.	JVI In Press (1996)
91US712.4	HIVU08449	U08449	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92US714.1	HIVU08450	U08450	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92US715.6	HIVU08451	U08451	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92US716.6	HIVU08452	U08452	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92HT593.1	HIVU08444	U08444	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92HT594.10	HIVU08445	U08445	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92HT596.4	HIVU08446	U08446	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92HT599.24	HIVU08447	U08447	Gao,F.	JVI In Press (1996)
91HT651.11	HIVU08441	U08441	Gao,F.	JVI In Press (1996)
RJS	HIVRJS	M37491	Daniels,R.S.	JVI 65, 5574 (1991)
GUN	HIVGUN	M59192	Takeuchi,Y.	JVI 65, 1710 (1991)
SC	HIVSC	M17450	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
SBA	HIVSBA	M77228	Burger,H.	PNAS 88, 11236 (1991)
SBB	HIVSBB	M77229	Burger,H.	PNAS 88, 11236 (1991)
SBC	HIVSBC	M77230	Burger,H.	PNAS 88, 11236 (1991)
92BR014.1	HIVU08796	U08796	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
92TH026.6	HIVU08802	U08802	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
92BR021.6	HIVU08799	U08799	WHO-GPA	Unpublished (1994)
ACH9	HIVACH9	M80661	Ashkenazi,A.	PNAS 88, 7056 (1991)
ACP1	HIVACP1	M80660	Ashkenazi,A.	PNAS 88, 7056 (1991)

## HIV1 ENV

JM	HIVJM	M80662	Ashkenazi,A.	PNAS 88, 7056 (1991)
WM	HIVWM	M80663	Ashkenazi,A.	PNAS 88, 7056 (1991)
CAN0A	HIVCAN0A	U43103	Ou,C.-Y.	Unpublished (1991)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
BWB11A	HIVBWB11A	L17097	Monken,C.E.	AIDS 9, 345 (1995)
CI223	HIVCI223	X72040	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
149L1R	HIV149L1R	U16098	Xin,K.	ARHR 11, 1139 (1995)
VE1	HIVVE1	U16764	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE2	HIVVE2	U16766	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE3	HIVVE3	U16768	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE4	HIVVE4	U16770	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE5	HIVVE5	U16772	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE6	HIVVE6	U16774	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE7	HIVVE7	U16776	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE8	HIVVE8	U16778	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
168A	HIV168A	U15030	Wrin,T.	JVI 69, 39 (1995)
HEI3BL	HIVHEI3BL	X61351	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
HEI4BL	HIVHEI4BL	X61353	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
HEI20BL	HIVHEI20BL	X61357	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
HEI22BL	HIVHEI22BL	X61358	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
HEI27BL	HIVHEI27BL	X61355	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
HEI28BL	HIVHEI28BL	X61359	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
RJSP3	HIVRJSP3	U08975	Sabino,E.C.	JVI 68, 6340 (1994)
US1	HIVUS1	L14573	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
US2	HIVUS2	L14574	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
US3	HIVUS3	L14575	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
US4	HIVUS4	L14576	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)

### SUBTYPE B:

8020	HIV8020	U23112	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
117305	HIV117305	U23120	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
124612	HIV124612	U23126	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
126807	HIV126807	U23129	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
127290	HIV127290	U23131	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
127481	HIV127481	U23135	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
14995	HIV14995	U23138	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
CM237X	HIVCM237X	L14570	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
91HT652.11	HIVU08443	U08443	Gao,F.	Unpublished (1994)
92UG005	HIVU08722	U08722	WHO-GPA	Unpublished (1994)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
SAL1	HIVSAL1	U20670	Sala,M.	ARHR 11, 653 (1995)
CB1I171	HIVCB1I171	U19694	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB2I266	HIVCB2I266	U19696	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB3I354	HIVCB3I354	U19698	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB4I465	HIVCB4I465	U19700	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB5I560	HIVCB5I560	U19702	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB6I653	HIVCB6I653	U19704	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB7I738	HIVCB7I738	U19706	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB8I839	HIVCB8I839	U19708	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB9I920	HIVCB9I920	U19710	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)

### SUBTYPE C:

93MW959.18	HIVU08453	U08453	Gao,F.	JVI In Press (1996)
93MW960.3	HIVU08454	U08454	Gao,F.	JVI In Press (1996)
93MW965.26	HIVU08455	U08455	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92BR025.9	HIVU09126	U09126	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
			Gao,F.	JVI In Press (1996)
UG268A2	HIVUG268A2	L22948	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
SM145A	HIVSM145A	L22946	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
D757	HIVD757	X65639	Dietrich,U.,	AIDS 7, 23 (1993)
D747	HIVD747	X65638	Dietrich,U.,	AIDS 7, 23 (1993)
D760	HIVD760	X65640	Dietrich,U.	AIDS 7, 23 (1993)
D1044	HIVD1044	X68406	Dietrich,U.	AIDS 7, 23 (1993)
NOF	HIVNOF	U06716	Dietrich, U.	AIDS 7, 23 (1993)
SH750	HIVSH750	U06719	Becker,M.L.	ARHR 11, 1265 (1995)
DLU	HIVDLU	U06717	Becker,M.L.	ARHR 11, 1265 (1995)
D1024	HIVD1024	U07104	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D744	HIVD744	U07100	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D766	HIVD766	U07106	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D808	HIVD808	U07102	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D868	HIVD868	U07108	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
ZAM18A	HIVZAM18A	L22954	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
ZAM20A	HIVZAM20A	L22956	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
Z8A1	HIVZ8A1	U43102	Reitz,M.	Unpublished (1990)
DJ259A	HIVDJ259A	L22940	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ373A	HIVDJ373A	L23065	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
SE364A	HIVSE364A	L22944	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
U0GOM	HIVU0GOM	U06718	Becker,M.L.	ARHR 11, 1265 (1995)
BOOYD	HIVBOOYD	U07237	Becker,M.L.	ARHR 11, 1265 (1995)

**SUBTYPE D:**

ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)
Z6	HIVZ6	K03458	Srinivasan,A.	Gene 52, 71 (1987)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
92UG021.16	HIVUG02116	U27399	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92UG046.8	HIVU08809	U08809	WHO-GPA	ARHR 10, 1327 (1994)
92UG024.2	HIVU08726	U43386	WHO-GPA	ARHR 10, 1327 (1994)
			Gao,F.	JVI In Press (1996)
92UG038.1	HIVU08806	U08806	WHO-GPA	ARHR 10, 1327 (1994)
143425	HIV143425	U23125	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
JY1	HIVJY1	J03653	Yourno,J.	ARHR 4, 165 (1988)
43424E	HIV43424E	U21098	Arnold,C.	ARHR 11, 427 (1995)
TZ005	HIVTZ005	U12406	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ012	HIVTZ012	U12407	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ023	HIVTZ023	U12410	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ030	HIVTZ030	U12411	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ053	HIVTZ053	U12412	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ064	HIVTZ064	U12413	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ112	HIVTZ112	U12415	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
UG23	HIVUG23	M98504	Atkin,A.	JAIDS 6, 872 (1993)
UG269A	HIVUG269A	L22949	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
UG274A2	HIVUG274A2	L22950	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
SE365A2	HIVSE365A2	L22945	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
CAR4020	HIVCAR4020	U43138	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CI132	HIVCI132	X72028	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)

## HIV1 ENV

93ZR001.3	HIVUGAMK3	U27419	Gao,F.	ARHR 10, 625 (1994)
GP120AA	HIVGP120AA	M98408	Bruce,C.	ARHR 9, 357 (1992)
<b>SUBTYPE E:</b>				
93TH966.8	HIVU08456	U08456	Gao,F.	JVI In Press (1996)
93TH975.15	HIVU08457	U08457	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92TH011.5	HIVU08811	U08811	WHO-GPA	ARHR 10, 1327 (1994)
92TH006.5	HIVU08810	U08810	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
TN235	HIVTN235	L03698	McCullchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN239	HIVTN239	L03699	McCullchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN241	HIVTN241	L03700	McCullchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN242	HIVTN242	L03701	McCullchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN2432	HIVTN2432	L03703	McCullchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN244	HIVTN244	L03704	McCullchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
92TH022.4	HIVU09131	U09131	Gao,F.	JVI In Press (1996)
11643E	HIV11643E	U21109	Arnold,C.	ARHR 11, 427 (1995)
93TH976.17	HIVU08458	U08458	Gao,F.	JVI In Press (1996)
CM240X	HIVCM240X	L14572	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
CARELO	HIVCARELO	U43110	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CAR4017	HIVCAR4017	U43137	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CAR4071	HIVCAR4071	U43170	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CARMBA	HIVCARMBA	U43173	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
<b>SUBTYPE F:</b>				
BRA7944	HIVBRA7944	L19237	Potts,K.E.	AIDS 7, 1191 (1993)
BZ163A	HIVBZ163A	L22085	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
BZ126A	HIVBZ126A	L22082	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
RJI03	RJI03	U08974	Sabino,E.C.	JVI 68, 6340 (1994)
93BR020.17	HIVU27401	U27401	Gao,F.	Unpublished (1995)
93BR029.2	HIVU27413	U27413	Gao,F.	JVI In Press (1996)
CA20	HIVCA20	X80448	Janssens,W.	AIDS 8, 1405 (1994)
CA16	HIVCA16	X80443	Janssens,W.	AIDS 8, 1405 (1994)
CA4	HIVCA4	X80451	Janssens,W.	AIDS 8, 1405 (1994)
VI354	HIVVI354	U43172	Louwagie,J.J.	Unpublished (1994)
AR16	HIVAR16	U37032	Campodonico,M.	ARHR 12:79 (1996)
AR18	HIVAR18	U37033	Campodonico,M.	ARHR 12:79 (1996)
<b>SUBTYPE G:</b>				
LBV217	HIVLBV217	U09664	Janssens,W.	ARHR 10, 877 (1994)
RU511B	HIVRU511B	U08356	Bobkov,A.	AIDS 8, 1649 (1994)
RU570	HIVRU570	U08368	Bobkov,A.	AIDS 8, 1649 (1994)
92RU131.9	HIVU30312	U30312	Gao,F.	JVI In Press (1996)
47621	HIV47621	U26301	Arnold,C.	ARHR 11, 999 (1995)
47622	HIV47622	U26302	Arnold,C.	ARHR 11, 999 (1995)
92UG975.10	HIVU27426	U27426	Gao, F.	JVI In Press (1996)
CAR4067	HIVCAR4067	U43169	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
G3	HIVG3	U13208	Abimiku,A.G.	ARHR 10, 1581 (1994)
G9	HIVG9	U13209	Abimiku,A.G.	ARHR 10, 1581 (1994)
JP882	HIVJP882	U13211	Abimiku,A.G.	ARHR 10, 1581 (1994)
JV832	HIVJV832	U13213	Abimiku,A.G.	ARHR 10, 1581 (1994)
<b>SUBTYPE H:</b>				
CA13	HIVCA13	U09667	Janssens,W.	ARHR 10, 877 (1994)
VI557	HIVVI557	L11793	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
<b>SUBTYPE O:</b>				

ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
VAU	HIVVAU	X80020	Charneau,P.	Virol. 205, 247 (1994)
VI686	HIVVI686	X78477	Janssens,W.	Unpublished (1994)
CA9	HIVCA9	X78476	Janssens,W.	Unpublished (1994)
<b>SUBTYPE U:</b>				
CAR4081	HIVCAR4081	U43174	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
Z3	HIVZ3	K03347	Willey,R.W.	PNAS 83, 5038 (1986)
GM4	HIVGM4	U43105	Bobkov	ARHR 12, 169 (1995)
Z1A	HIVZ1A	U43101	Reitz,M.	Unpublished (1990)
<b>HYBRIDS:</b>				
AD_K124A2	HIVK124A2	L22942	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
AD_MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
AD_UG266A2	HIVUG266A2	L22947	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
AC_ZAM184	HIVZAM184	L22955	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
GX_VI525A2	HIVVI525A2	L22953	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
BF_RJI01.5	RJI01.5	U08972	Sabino,E.C.	Virol. 68, 6340 (1994)
AE_CAR4039	HIVCAR4039	U43112	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
BF_93BR019.10	93BR019.10	U27408	Gao,F.	JVI In Press (1996)
FB_AR15	HIVAR15	U37043	Campodonico,M.	ARHR 12:79 (1996)
CD_DI2ACD	HIVDI2ACD	L35452	Ranjabar,S.	Unpublished (1994)
DA_TZ016	HIVTZ016	U12408	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virol. In Press (1996)

## HIV1 ENV

The sequences K124A2, MAL, UG266A2, ZAM184, VI525A2, RJI01.5, CAR4039, 93BR019.10, AR15, DI2ACD, and TZ016 have been identified as likely hybrids in ENV. They are presented with respect to a duplicate of the subtype A consensus.

CONSENSUS-A	ATGAGAGtGAtGggGatacagaggAatTatcaacacTtg...TgGAg???????.	45
U455	-----CTTG-----.	45
SF1703	-----T---C-G---A---A...T-----.	45
IBNG	-----A-----C-T---A.....	45
Z321	----A---A---G---GG---A---G---A.....	45
92RW020.5	----G-----C-G---GG---A.....	41
92UG031.7	----G-A-----GG---G---A...T.....	41
92UG037.8	-----G-----CTTG---G-----C.....	41
92RW009.14	-----C-TT---T-----A.....G.....	41
TZ017	-----G---A---GA-----G---A---A.....	45
UG275A	----A---C---C---T---G---A---G.....	45
UG273A	-----A-----GG---G-----T.....	45
VII191A	----A-----T---GG-----AG.....	45
DJ264A	-----C-T---C-----A.....	45
DJ263A	-----G-----C-T---A-----A.....	45
DJ258A	-----A-----C-T---A.....	45
KENYA	-----C-----G---A...T.....	45
CARGAN	-----A-----T.....	45
CARSAS	-----A---C---A-----CTCT-C.....	45
CAR4054	-----A---A---C-----GG---CA-----A.....	45
CAR286A	-----A---C-----GG---A.....	45
CAR4023	-----A---A-----A---G-----TGGGGG.....	42
CAR423A	-----A---A-----A---G-----TGGGGG.....	42
CONSENSUS-B	??????atgagAGtGAagGggatcaggaagaattatcagcacttg??Tggaga?????????????????	45
SF2	-----A-----C---G-----.	45
SF2B13	-----A---A-A-C-----.	45
LAI	-----A.....A-----.	42
HXB2R	-----A.....A-----.	42
NY5CG	-----C-----C-----.	45
NL43	-----A.....G-----.	42
JRCSF	-----A-----.	45
JRFL	-----G-----T-----A.....	45
ALA1	-----G-----G-----.	45
JH32	-----.	45
BAL1	-----C---A-----G-----G-----.	45
YU2	-----C---C---A-----A.....	45
BRVA	-----A-----.	48
91US005.11	-----C-----C-----G-GTGGGGCATC.....	50
91US006.10	-----A-----.	57
BZ167A	-----G-----.	57
MA208	-----G-----G-----.	61
ETR	-----A-----.	60
BA1A	-----C---A-----G-----G-----.	45
MN	-----G-----G-----G-----.	45
QZ4589	-----G-----G-----G-----C-----.	45
CAM1	-----C-----G-----G-----A.....	45
ADA	-----A-----.	45
JFL	-----A-----G-----A.....	45
SIMI84	-----G-----.	45
BCSG3C	-----A-----.	45
D31	-----A-----A-----.	45
SF162	-----.	45
OYI	-----C---C---G-----C-----G-----.	45
SF33	-----C---G---A---C-----TG-----.	45
CDC42	ATGGCA-----C-----G-----.	51
HAN	-----A-----A---C-----G-----.	45

CONSENSUS-B	??????atgagAGtGAagGggatcaggaagaattatcagcacttg???	Tggaga?????????????	45
ENVVA	-----C-----C-----	.....	45
RF	-----T-A-G-----G-----	-A-.....	45
WMJ22	-----T-G-----G-----	-T-.....	45
TB132	-----A-----G-----	.....	45
92BR020.4	-----A-G-----C-GG-----G-----A-----	.....	41
92TH014.12	-----C-----G-----A-A.....	.....	41
92US711.14	.....A-----C-----	.....A.....	41
91US712.4	-----C-A-----G-A-G-----	.....	41
92US714.1	A-C-----C-----A-T-----	.....	41
92US715.6	-----C-----G-A-G-----A-----	.....	41
92US716.6	-----C-----G-----G-----A-----	.....	41
92HT593.1	-----C-A-G-----C-G-----A-----	.....	41
92HT594.10	-----C-----.....A.....	.....	41
92HT596.4	-----C-----.....A.....	.....	41
92HT599.24	-----.....G-----	.....	41
91HT651.11	-----C-A-G-----C-GG-----C-----	.....	41
RJS	-----C-G-A-----C-GG-----	.....	45
SC	-----ATCAG-A-G-----	.....	45
92BR014.1	-----C-----G-----G-TGT-----	.....	44
92TH026.6	-----C-----T-A-G-----	.....	41
92BR021.6	-----G-----G-----	.....	45
P896	-----A-----GG-----T-----	.....	42
68A	.....T-----	.....	39
US1	-----A-C-----A-----G-----	.....	45
US2	-----A-C-G-----A-----	.....	45
US3	-----A-----G-----G-----A-----A-----	.....	45
US4	-----C-T-A-G-----C-G-----	.....	45
91HT652.11	-----C-A-G-----C-G-----A-----	.....	41
3202A12	-----A-----A-C-----	.....	45
3202A21	-----A-----A-C-----	.....	45
MANC	-----A-----A-----A-----	.....	45
WEAU160	-----T-A-A-----T-T-G-----GA-----	.....	45
SALL	-----T-A-A-----T-T-G-----GA-----	.....	45

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	ATGAgAGTGagGGgGAtac?GagGAAtTggcaAcaaTgG...tGGaTA.....	44
93MW959.18	-----C-C-----.....	41
93MW960.3	-----TC-----.....	41
93MW965.26	-----T-----G-A-----T-----.....	41
92BR025.9	-----GA-----A-----A-----.....	41
UG268A2	-----T-----A-----T-----.....	45
SM145A	-----T-----.....	45
D1024	-----T-----AT-----G-----.....	45
ZAM18A	-----A-----T-----.....	45
ZAM20A	-----T-----T-----.....	45
DJ259A	-----A-----T-----C-----A-----C-----C-----GG-----G-----.....	45
DJ373A	-----T-----A-----T-----C-----T-----.....	45
SE364A	-----C-----GTT-----T-----C-----.....	45
CONSENSUS-D	ATGAGAGtGAgGG?GAtagagAggAATTatcagcacattg...TGGaga?????????????????	44
ELI	-----C-----G-----A-----G-----AA-----G-----A-----.....	45
Z2Z6	-----G-----G-----AA-----.....	45
Z6	-----C-----A-----G-----CAA-----.....	45
NDK	-----C-----A-----A-----G-----AA-----.....	45
92UG021.16	-----A-----GAG-----G-----T-----G-----.....	41
92UG046.8	-----T-----G-----TC-----GAGAGGAATCAGCACTCGT.....	61
92UG024.2	-----A-----GC-----T-----A-----A-----.....	41
JY1	-----T-----G-----AG-----T-----A-----A-----.....	45
TZ005	-----G-----A-----.....	45
TZ012	-----A-----A-----G-----T-----.....	45
TZ023	-----A-----C-----T-----.....	45
TZ030	-----G-----A-----.....	45
TZ053	-----G-----.....	45
TZ064	-----G-----T-G-----.....	45
TZ112	-----A-----C-----.....	39
UG269A	-----A-----.....	45
UG274A2	-----A-----.....	45
SE365A2	-----C-----A-----GA-----A-----.....	45
CAR4020	-----G-----A-----A-----A-----.....	45
93ZR001.3	-----G-----ATG-----.....	41
CONSENSUS-E	ATGAGAGTgAAGGaGacacagatgAatTggCcaaACTtG...TggAaA?????	45
93TH966.8	-----.....	41
93TH975.15	-----.....	41
92TH011.5	-----.....	45
92TH006.5	-----.....	41
TN235	-----A-----AA-----.....	45
TN239	-----A-----.....	45
TN242	-----.....	45
TN243	-----.....	45
92TH022.4	-----.....	41
93TH976.17	-----.....	41
CM240X	-----C-----.....	45
CARELO	-----G-----C-----.....	45
CAR4017	-----A-----AT-----AGC-----G-TGGGGG.....	42
CAR4071	-----G-----.....	45
CARMBA	-----G-----C-----G-----.....	45

CONSENSUS-F	ATGAGAGTGAGGGGGATGCAGAGGAAtTGGCAgCACTTG...GGGAAa.....	45
BZ163A	-----C-----	45
BZ126A	-----A-----	45
93BR020.17	-----G-----	41
93BR029.2	-----	41
CONSENSUS-G	ATGAgAGtGAaGGGGATACaGAgGAATTGGCAaCACTTg...TGGAAa.....	45
LBV217	-----C-----T-----	45
92RU131.9	-----G-C-----C-----G-	41
92UG975.10	A-----G-----T-----	41
CAR4067	-----G-----A-----	45
CONSENSUS-O	ATGAcAGtGAcTATGAAAGcAATGgaGAAGAGggAACAgG...AAGTtA.....	45
ANT70	-----T-----A-----	45
MVP5180	-----T-----A-----AC-----C-----	45
VAU	-----C-T-----G-----	45
CONSENSUS-U	ATGA?AGTGA?GGAGA?ACAGAGGAATT?TC?AC?CT??...TGGAA.....	36
CAR4081	----A-----T-----C-----G-C-G--CA-----G-----	45
Z3	----G-----A-----T-----A-A-A--TG-----A-----	45
CONSENSUS-A	ATGAgAGtGAtGGgGatacagaggAatTatcaacacTtg...TgGAg???????	45
AD_K124A2	-----G-----G-T-----A-----T-G-----	45
DA_MAL	-----G-A-----A-----G-----	45
AD_UG266A2	-----A-----C-----A-----A-----T-----	45
CA_ZAM184	-----G-----C-A-----GG-----A-G-----T-----	45
GX_VI525A2	-----G-----C-----GG-----A-----AT-----	45
EA_CAR4039	-----G-----C-----A-----GG-C-A-----A-----A-----	45
FB_93BR019.10	-----G-----G-----GG-----G-----G-----A-----	41
CD_D12ACD	-----C-----G-----A-G-----T-----	45
DA_TZ016	-----G-----A-----G-----	45
CONSENSUS-CPZ	ATGA?????A?G??GA??A?????????????????????...?T?????????????....	10
CPZGAB	---AAGTA-T-GA--AGA-GAAGAGAGACTGGAACAGC...T-ATCCATAATTACA.....	54
CPZANT	---GG...-A-CC--TAC-T.....A-TATT.....	24

## HIV1 ENV

	signal peptide \ / gp120 <- vpU	
CONSENSUS-A	.....?????TGG...gG?actatgaTctTtgGgatgataataATttgT...a?Tgct???cagaa...aA	92
U455	.....----...A-----G---T-----A---A....C---C-	92
SF1703	.....----...A-----G---A---T-----C-----G-----A--AGC----	95
IBNG	.....----...T---G-AT---A---T---A-G-----A-----A-----C-----C-	92
Z321	.....----...G---T---C-----T---G-G-----G-----G-----G-----	95
92RW020.5	.....----...A-----G-----C---G-G-----A-----G-----G-----	91
92UG031.7	.....----...A-T-----G-----C-----G-----AGAA---C-----	94
92UG037.8	.....----...G-T-----G-A-----A-A---G-----	91
92RW009.14	.....----...A-----G-----T-----G-----G-----G-A-C-----	91
TZ017	.....----...C---C---C-----T-G-G-A-----G-T---A---G-----	95
UG275A	.....----...A-----G-----C-----G-A-----G-----G-	95
UG273A	.....----...A-----A-----G-TT-----C---C-----G-A---G-A-----	95
VI191A	.....----...A---T-----C-----T---GGG-----A-----	92
DJ264A	.....----...T-TG---A---A---T---A-G-----A-----	92
DJ263A	.....----...T---G-C---A---T---CA---G-----A-----	92
DJ258A	.....----...T---G---A---A---T-A---A-G-----A-----A---G-	92
KENYA	.....----...A-----G-----C-----G-----G-----	95
CARGAN	.....----...G-----T-A-----A---TG---T---G---C...C-	95
CARSAS	.....----...G-T-----C-----C-----G-----A-----	95
CAR4054	.....----...C-CCTC-----A---T---G-C-----A-----AA-----	95
CAR286A	.....----...CCTC-----A---T-G-G-----A---A...A-A-C-----	95
CAR4023	.....----...TGGAAA---C-GC---C-C-----AT-G-G-C-----A---AGACAA---C-----	101
CAR423A	.....----...TGGAAA---C-GC---C-C-----AT-G-G-C-----A-----T---C-----	98
CONSENSUS-B	?????????tGg...GGcAccaTGcTCcTtGGatgttgATgAtctgT...Agtgt???gcagaa...aa	95
SF2	.....----...T-----A-----A-----	95
SF2B13	.....----...T-T-----AA-----	95
LAI	.....TGGAAA-----A-----A-----	98
HXB2R	.....TGGAGA-----A-----	98
NY5CG	.....----...G-----A-----C-----	95
NL43	.....TGGAAA-----A-----A-----	98
JRCSF	.....G---T-T-----CA---A-----T-----	95
JRFL	.....G-----T-----A-A-----T-----	95
ALA1	.....----...T-----A-----A-----	95
JH32	.....----...G-----A-----C-----	95
BAL1	.....----...T-----A-A-----A-----A-----	95
YU2	.....G-----T-----C-----	95
BRVA	.....G-----TG-----A-----A---C-----	98
91US005.11	.....TGGAGA-----T-----A-----C-----	106
91US006.10	.....TG...AGA-----TG-----A-----G-----	112
BZ167A	.....TGGAGA-----A-----C-----	113
MA208	.....TTGGGATA-----A-----T-----	119
ETR	.....CGA-----C-----	113
BA1A	.....----...T-----A-----A---AG-----	95
MN	.....----...G-----T-A---A-----A-----C...A-----C-----	95
QZ4589	.....----...A-----A-----C...A-----C-----	95
CAM1	.....----...A-----A-----C-----	95
ADA	.....----...T-----T-----	95
JFL	.....----...A-----G-----	95
SIMI84	.....----...A-----T-----C-----	95
BCSG3C	.....----...T-----A-----A-----GG-----	95
D31	.....----...T-----A-----	95
SF162	.....G-----T-----T-----	95
OYI	.....----...A-----	95
SF33	.....----...G-----A-----	95
CDC42	.....----...A-----C-----	101
HAN	.....G-----T-----A-----A-----T-----G-----	95

	signal peptide \ / gp120 <- vpU	
CONSENSUS-B	????????tGg...GGcAccaTGcTCcTtGGatgtgATgAtctgT...Agtgct???gcagaa...aa	95
ENVVA	.....-....-T.....	95
RF	.....-....	95
WMJ22	.....-....-G---T-----G-----	95
TB132	.....-....-T-----A-A---TA-----	95
92BR020.4	.....G----T-T-----C-----AA---C---	91
92TH014.12	.....-----A-----	91
92US711.14	.....-----A-----	91
91US712.4	.....-....-T-----A---C---A-AA-----G-	91
92US714.1	.....-----A---G-----A-----	91
92US715.6	.....-....-T-----A-A-----A-----A-----	91
92US716.6	.....-....-TG-----A-A-----A-A-A-----	88
92HT593.1	.....C-A-----T-----A-C-----	91
92HT594.10	.....-....-T-----	91
92HT596.4	.....-....-T-----	91
92HT599.24	.....-....-TG-----T-----A-----G-----	91
91HT651.11	.....-----A-A-----AG---A-----C-----	88
RJS	.....-----G-----A-----	95
GUN	-----	10
SC	.....-----G-----G-----A-----	95
92BR014.1	.....-----T-----A-----	94
92TH026.6	.....-----	91
92BR021.6	.....-----T-----C-----GGAA-A---C-----	98
P896	.....G-----T-T-----	95
VE1	-----A-----	11
VE2	-----A-----	11
VE3	-----A-----	11
VE4	-----A-----C-----	11
VE5	-----C-----	11
VE6	-----A-A-C-----	11
VE7	-----G-----	11
VE8	-----C-----	11
68A	.....-....-TG-----	89
US1	.....-....-T-T-----CA-----	92
US2	.....-....-T-----A-----A-----G-----C-----	95
US3	.....-----C-----A-----	95
US4	.....G-----T-T-----A-----G-----A---AC---GT	95
8020	-----A-----	11
17305	-----A-----C-----	11
24612	-----CA-----	9
26807	-----AA-----	11
27290	-----AA-----	11
27481	-----A-----	11
4995	-----A-----C-----	11
91HT652.11	.....G-----T-----A-----	88
3202A12	.....-----	95
3202A21	.....-----	95
MANC	.....-----T-T-----	95
WEAU160	.....-----T-----A-----	95
SAL1	.....G-----T-T-----A-----A-----AA-----	95

## HIV1 ENV

	signal peptide \ / gp120 <- vpU	
CONSENSUS-C		
93MW959.18	.....tGG...GGcATCTTAGGCTTtGGATgttaTGAttTgT...aaTgtg?????gggg...aa	92
93MW960.3	.....-.....A-----C-----G-----A-----G-----TT-----.	91
93MW965.26	.....-.....G-----C-----G-----A-----AA-----GG	88
92BR025.9	.....-.....G-----A-----A-----AG-----.	91
UG268A2	.....-.....A-----A-----.	95
SM145A	.....-.....-G-----G-----GGA-----.	95
D1024	.....-.....-G-----G-----GTA--A-----.	95
ZAM18A	.....-.....G-----AC-A-----GTAGGA-AC-----.	98
ZAM20A	.....-.....G-----GT-----G-----G-----G-----.	95
DJ259A	.....-.....A-----GT-----G-----G-----.	89
DJ373A	.....G-----A-----C-GT-----G-----G-----AT-----.	95
SE364A	.....-.....CG-T-----A-----GG-----.	95
CONSENSUS-D	?????????TGG...gGCAccaTGCTCCTtGGgATgTTgATGataTgT...agtgtt...gcAgaa??aa	94
ELI	.....-.....T-----A-----CC-----C-----C-----.	95
Z2Z6	.....-.....T-----A-----CC-----AA-----C-----.	95
Z6	.....-.....T-----A-----C-----C-----C-----C-----.	95
NDK	.....-.....T-----CC-----C-----C-----G-----.	95
92UG021.16	.....-.....T-----A-----G-----AC-----A-----G-----.	91
92UG046.8	TGTGGAGA.....T-----A-----AA-----G-----.	114
92UG024.2	.....-.....T-----A-----A-----G-----A-----GAAC-----.	94
JY1	.....-.....T-----A-----C-----.	95
43424E	.....-.....-C-----A-----C-----.	11
TZ005	.....-.....A-----A-----.	95
TZ012	.....-.....-G-----A-----G-----.	95
TZ023	.....-.....T-----C-----A-----.	95
TZ030	.....-.....A-----A-----A-----G-----.	95
TZ053	.....A-----G-----.	95
TZ064	.....-.....A-----A-----G-----.	95
TZ112	.....-.....G-----A-----GC-----A-----G-----C-----.	89
UG269A	.....-.....G-----A-----G-----A-----G-----G-----.	95
UG274A2	.....-.....A-----C-----A-----C-----.	95
SE365A2	.....-.....A-----C-----.	95
CAR4020	.....-.....G-----A-----CC-----.	95
93ZR001.3	.....-.....TG-----C-----G-----.	91
GP120AA	.....-.....C-----A-----.	19
CONSENSUS-E	..??????TGG...GGgActtTgaTCCTTGGGtTggTGATAATtTGt..?AgtGCc...TCAGAc...AA	95
93TH966.8	.....-.....T-----.	91
93TH975.15	.....-.....-T-----.	91
92TH011.5	.....-.....N..T-----A-----.	96
92TH006.5	.....-.....-.	91
TN235	.....-.....A-----A-----.	95
TN239	.....-.....A-----A-----.	95
TN242	.....-.....A-----A-----.	95
TN243	.....-.....-.	95
92TH022.4	.....-.....-A-----.	91
93TH976.17	.....-.....-.	91
CM240X	.....-.....-.	95
CARELO	.....-.....A-----G-----A-----.	95
CAR4017	..TGGAAA----C-GCA--C-----A-AT---G-C-----T-----.	98
CAR4071	.....-.....G-----.	95
CARMBA	.....-.....-A-----A-----.	95

	signal peptide \ / gp120 <- vpU	
CONSENSUS-F	.....TGG...GGCCTTTATTCCCTGGGGAtATTgaTAATCTGT...AATGCT...??GAA...aA	92
BRA7944	.....-----T-----.....-----.....-----	5
BZ163A	.....-----T-----.....-----.....-----	92
BZ126A	.....-----.....-----.....-----.....-----	92
93BR020.17	.....-----C---A-----.....-----GCA-----	91
93BR029.2	.....-----.....-----.....-----	88
CONSENSUS-G	.....TGG...GGaAcTTTGATCCTTGGGTTGGT?ATaATtTGT...AgtGCC...tCAaat...aa	94
LBV217	.....-----T-----A-----A-----GG-----	95
92RU131.9	.....-----A-G-----.....-----G...G-	91
92UG975.10	.....-----G-----G-----.....-----	91
CAR4067	.....-----G-----G-----C-----A-----G	95
CONSENSUS-O	.....tGGA?CTtgTaCtTagccaTGGCTTGaTAATCCCATGT...TTGAGc...t?TAG????CA	95
ANT70	.....-----C-----C-----CT---A....	98
MVP5180	.....-----G---A---A-----C-----T...-A---TAAA--	101
VAU	.....-----G---T---G---GATT-----.....-----G---AC....	98
CONSENSUS-U	.....TGG...?G??T??T?AT??T?GG??TG?T?AT?AT?TGT...AA?GC?...??AGA????AA	66
CAR4081	.....-----G-GA-TT-G--CC-T--GT--G-G-A--T-----T-C...TC---CAAC--	98
Z3	.....-----A-CC-GA-A--TT-A--AA--A-A-G--A-----A--T...AT---A....	95
CONSENSUS-A	..??????TGG...gG?actatgaTctTtgGgatgataataATttgT...a?Tgct????cagaa...aA	92
AD_K124A2	.....G----A-T-----G-----C----A-----G-----	92
DA_MAL	.....-----C-TG---C-C-----T-G-G-CC-----G-AT...G-----G-	95
AD_UG266A2	.....-----A----A-C-G-A-----G-A----G----C----	95
CA_ZAM184	.....-----C-TCT-AGG----T-----T-----G-----G---TG...GTG-G...--	95
GX_VI525A2	.....-----G---T----C----T-G-G-----A----G---C...T--A-T....	95
EA_CAR4039	.....-----A---T----C----T-G-G-G-----G---C...T---C....	95
FB_93BR019.10	.....-----CCT-T-AT--C-G-A--AT-G-G-C-----A----A---T....	91
CD_DI2ACD	.....-----C-TCT-AGG----T-----T-----G-----A--TG...ATG-GG....	95
DA_TZ016	.....-----C--C--C-C-----A--AT-G-G-A-----G--T...A---G----	95
CONSENSUS-CPZ	.....????????????????T??T????????T?A????????...??GAC?...??TGA?...??	20
CPZGAB	.....ATCATAACAATCA-TT-G.....C-A-CCCATGT...TT---C...TC---G....	96
CPZANT	.....TGG...GGTCTGGCTT-GC-AATCCAGT-T-TAGAGAAG...GG---G...AA---A...GA	74

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	?tTGTGGGTcaC?GTcTacTATGGGGTACCTGTgTGGaaaga?gcagagACcACccTaTTttGtGCATCa	159
U455	A-----G-----T-----TT-----	162
SF1703	A-----T-----T-----C-----T-----	165
IBNG	A-----G-----GACG-----	162
Z321	C-----G-----T-----T-----	165
92RW020.5	C-----TG-T-----C-----T-----G-----	161
92UG031.7	A-----T-----T-----A-----A-----	164
92UG037.8	C-----T-----T-----T-----T-----	161
92RW009.14	C-----T-----T-----C-----T-----GG-----	161
TZ017	C-----A-----C-----	165
UG275A	C-----T-----T-----A-----G-----C-----T-----	165
UG273A	C-----T-----T-----A-----G-----C-----C-----	165
VII191A	T-----A-----A-----T-----T-----C-----G-----	162
DJ264A	G-----G-----G-----T-----A-----	162
DJ263A	G-----G-----G-----A-----CA-----	162
DJ258A	GA-----G-----G-----C-----A-----	162
KENYA	C-----T-----T-----A-----C-----T-----	165
CARGAN	AC-----A-----A-----T-----C-----	165
CARSAS	A-----A-----T-----T-----A-----	165
CAR4054	C-----A-----T-----G-----G-----A-----T-----T-----T-----	165
CAR286A	C-----A-----A-----T-----TCG-----T-----	165
CAR4023	A-----T-----A-----T-----G-----T-----A-----T-----T-----T-----	171
CAR423A	A-----A-----T-----CG-----T-----A-----T-----T-----T-----	168
CONSENSUS-B	attgTGGGTcACagTcTAtTaTGGgGTaCCtGTgTGGaaaGAagCAaccACcACtcTaTTttGtGCaTCa	165
SF2	-----T-----A-----T-----	165
SF2B13	-----G-----T-----	165
LAI	-----G-----	168
HXB2R	-----G-----	168
NY5CG	-----C-----G-----	165
NL43	-----G-----	168
JRCSF	G-----A-----	165
JRFL	G-----	165
ALA1	-----	165
JH32	-----G-----	165
BAL1	-----	165
YU2	-----	165
BRVA	-----A-----	168
91US005.11	-----A-----	176
91US006.10	-AA-----	182
BZ167A	-----	183
MA208	T-----	189
ETR	-----	183
BA1A	-----	165
MN	-----	165
QZ4589	-----	165
CAM1	-----A-----	165
ADA	T-----T-----	165
JFL	-----A-----	165
SIM184	-----T-----C-----	165
BCSG3C	T-----A-----A-----	165
D31	-----A-----T-----	165
SF162	-----	165
OYI	T-----C-----	165
SF33	T-----T-----T-----T-----	165
CDC42	C-----	171
HAN	C-----T-----	165

CONSENSUS-B	atggTGGGTcACagTcTAtTaTGGgGTaCCTGTgTGGAaaGAagCAaccACcACtcTaTTttGtGCaTCa	165
ENVVA	-----A-----T-----	165
RF	C-----	165
WMJ22	-----G	165
TB132	T-----	165
92BR020.4	C-----G-----G	161
92TH014.12	G-----A-----TT-----	161
92US711.14	T-----T-----A-----	161
91US712.4	--C-----A-----	161
92US714.1	T-----	161
92US715.6	G-----A-----	161
92US716.6	C-----	158
92HT593.1	C-----	161
92HT594.10	-----	161
92HT596.4	-----	161
92HT599.24	---T-----C-----T-----	161
91HT651.11	-----T-----G-----	158
RJS	T-----T-----	165
GUN	-----A-----	80
SC	-----	165
92BR014.1	-----G-----T-----C-----	164
92TH026.6	C-----A-----A-----G-----	161
92BR021.6	-----	168
ACH9	-----G-----C-----	45
ACP1	-----	45
JM	-----A-----G-----	45
WM	-----A-----G-----	45
P896	-AC-----A-----G-----	165
VE1	-----A-----	81
VE2	-----T-----A-----	81
VE3	C-----T-----	81
VE4	--CA-----	81
VE5	-----G-----	81
VE6	-----A-----C-----	81
VE7	T-----C-----C-----G-----T-----	81
VE8	-----A-----G-----	81
68A	-----G-----T-----	159
US1	-----G-----G-----G-----	162
US2	-----T-----G-----	165
US3	T-C-----G-G-----	165
US4	C-----G-----	165
8020	-----C-----	81
17305	-----	81
24612	.AA-----A-----	78
26807	-----T-----	81
27290	-----T-----	81
27481	G-----	81
4995	GG-----C-----	81
CM237X	-----A-----	61
91HT652.11	C-----	158
3202A12	-----T-----C-----	165
3202A21	-----T-----C-----	165
MANC	-----T-----	165
WEAU160	C-----	165
SAL1	T-----	165

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	CTTGTGGGTCACagTcTAtTATGGGGTACCTGTGTGGaaaGAaGCAaaaaCtaCtcTaTTtTGTGCATCa	162
93MW959.18	-----C-----C-----	161
93MW960.3	-----C-----	161
93MW965.26	-----A-C-----A-C-----	158
92BR025.9	-----G-A-----	161
UG268A2	-----C-----	165
SM145A	-----G-----G-----G-----	165
D1024	-----C-----	165
ZAM18A	-----T-----C-----	168
ZAM20A	-----G-----C-----	165
DJ259A	-----T-----CC-C-C-----	159
DJ373A	-----C-----CC-----	165
SE364A	-----A-----G-----	165
CONSENSUS-D	tttgTGGGTcACAGTtTATTATGGGGTaCCtgTgTGGAAaGAAgCAaccACtACtCTATTtTGtGCATCA	164
ELI	-C-----G-----A-----G-----C-----	165
Z2Z6	-C-----G-----G-----A-----G-----C-----	165
Z6	-C-----G-----G-----A-----G-----C-----	165
NDK	-C-----G-----A-----G-----C-----	165
92UG021.16	---A-----	161
92UG046.8	.-----C-----	183
92UG024.2	A-C-----C-----	164
92UG038.1	-----C-----A-C-----	60
43425	--C-----G-----A-----G-----C-----	57
JY1	-----C-----G-----	165
43424E	-C-----G-----A-----G-----C-----	81
TZ005	G-----	165
TZ012	-----A-----	165
TZ023	A--C-----	165
TZ030	G-----	165
TZ053	-----	165
TZ064	GC-----	165
TZ112	A--A-----A-----	159
UG269A	G-----C-----	165
UG274A2	G-----G-----	165
SE365A2	A-----G-----C-----	165
CAR4020	A-----GAA-C-----	165
93ZR001.3	-----A-C-----	161
GP120AA	-AA-----C-----	89
CONSENSUS-E	CTTgTGGGTTACAGtTATTATGGGGTtCCTGtgTGGAgAGAtGCAGAtACCACCTATTtTGtGCATCA	165
93TH966.8	---A-----	161
93TH975.15	-----	161
92TH011.5	-----C-----	166
92TH006.5	-----G-----G-----	161
TN235	-----	165
TN239	-----	165
TN241	---A-----A-----A-----A-----	46
TN242	-----	165
TN243	-----	165
TN244	---A-----A-----A-----	46
92TH022.4	-----A-----	161
93TH976.17	-----A-----	161
CM240X	-----G-----G-----	165
CARELO	-----C-----C-----C-----A-----	165
CAR4017	-----C-----A-----	168
CAR4071	-----A-----GC-----	165
CARMBA	-----	165

CONSENSUS-F	cTTgtGGGTcACAGTCTATTATGGGGTACCTGTGTGAAAGAaGCAAccACTACTcTATTCTGTGCATCA	162
BRA7944	A--CG-----T-----	75
BZ163A	-----T-----	162
BZ126A	-----	162
93BR020.17	---A----T-----	161
93BR029.2	-----T-----	158
CONSENSUS-G	CTTGTGGGTcACAGTCTATTATGGGGTaCCTGtGTGGGAAGAtgcAGAtaCCactCTATTGTGCATCT	164
LBV217	-----C-----C-----G-----	165
RU511B	-----	39
RU570	-----C-----	39
92RU131.9	-----G-----	161
47621	-----C-----	63
47622	-----	63
92UG975.10	-----C-----T-----	161
CAR4067	-----G-----CG---G-C-----	165
CONSENSUS-O	acTaTATGCcACAGTcTATTCTGGGGTaCCTGTATGGGAAGAtGCAacACCAGtAcTaTTCTGTGCTTC	165
ANT70	G-----A-----G-----	168
MVP5180	-T-G-----T-----G-----G-----	171
VAU	-----A-----AC-T-G-----	168
CONSENSUS-U	?T?GTGGGTcACAGT?TATTATGGGGTACCTGTGTGAAAGATGCAGA?ACCAC?CTATTGTGCATC?	130
CAR4081	C-T-----T-----G-----C-----T-----	168
Z3	A-C-----C-----A-----T-----A-----	165
CONSENSUS-A	?tTGTGGGTcaC?GTcTacTATGGGGTACCTGTgTGGaaaga?gcagagACcACccTaTTttGtGCATCa	159
AD_K124A2	C-----T--T-----G-----T-----TT-----G-----	162
DA_MAL	T-----T-A-T-T-----A-----ACC-T-T-----	165
AD_UG266A2	C-----T-T-----T-----T-----T-----G-G-----	165
CA_ZAM184	C-----A-----T-----G-----A-----A-A-T-T-----C-----	165
GX_VI525A2	C-----A-----G-----T-----A-----C-T-----T-----	165
EA_CAR4039	C-----T-A-T-T-----T-----G-----T-----A-----A-----	165
FB_93BR019.10	C-----A-----T-----A-----ACC-T-T-----C-----	161
CD_DI2ACD	C-C-----A-----G-----A-----ACT-T-T-----	165
DA_TZ016	G-----A-T-T-----A-----ACC-T-T-----	165
CONSENSUS-CPZ	????T??GTAACAGTAT??TATGGAGT?CCTGT?TGG????ATGC???CC????CT?TTTGTCGCC?CA	66
CPZGAB	.TTA-GG-----AT-----A-----T-----CATG---TGAC--GGTA--C-----T-----	165
CPZANT	C...AT-----TC-----C-----C-----AGAA---GACA-TACT-A-----A-----A-----	141

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	gATGCtAaAGCatAtgatacaGAaat?CAtAATGTcTGG?..GctACaCAtgCCTGTGTACCCaACAGACC	225
U455	-----G-----G-G-----.	229
SF1703	-----G-G-----G-----.	232
IBNG	-----G-A-----.	229
Z321	-----AA-----C-----.	232
92RW020.5	-----T-----G-G-----A-----AA-----.	228
92UG031.7	-----A-G-----G-----.	231
92UG037.8	-----G-----G-G-----.	228
92RW009.14	-----C-----AG-----.	228
TZ017	-----A-----GGCA-----.	232
UG275A	-----G-----G-----.	232
UG273A	-----G-----G-----.	232
VII191A	-----AG-GA-----G-AA-----C-----.	229
DJ264A	-----C-----GT-----G-A-----.	229
DJ263A	-----G-----G-A-----.	229
DJ258A	-----G-A-----.	229
KENYA	-----A-----AA-----.	232
CARGAN	A----C-G-----G-G-----.	232
CARSAS	-----G-----.	232
CAR4054	-----C-----C-----AG-----T-----AG-----.	232
CAR286A	-----AG-G-T-----AA-----.	232
CAR4023	-----AG-----T-----AA-----.	238
CAR423A	-----AG-----T-----AA-----.	235
CONSENSUS-B	GAtgctAaagCataatgatacaGAggttaCATAAtgTtTGG...GccAcaCAtGCctGtgTaCCcACagAcC	232
SF2	-----G-----.	232
SF2B13	-----G-----.	232
LAI	-----.	235
HXB2R	-----.	235
NY5CG	-----C-----.	232
NL43	-----.	235
JRCSF	-----.	232
JRFL	-----.	232
ALA1	-----.	232
JH32	-----.	232
BAL1	---CG-----.	232
YU2	-----.	232
BRVA	-----A-----C-----.	235
91US005.11	-----.	243
91US006.10	-----.	249
BZ167A	-----A-----.	250
MA208	-----A-----C-----.	256
ETR	-----C-----.	250
BA1A	-----.	232
MN	-----.	232
QZ4589	-----AA-----C-----.	232
CAM1	-----C-----.	232
ADA	-----.	232
JFL	--C-----C-----.	232
SIM184	-----C-----T-----.	232
BCSG3C	-----C-----C-A-----.	232
D31	-----C-----C-----.	232
SF162	-----C-----C-----C-----.	232
OYI	-----G-----C-----.	232
SF33	-----.	232
CDC42	-----C-----.	238
HAN	-----T-----.	232

CONSENSUS-B	GAtgctAaagCataatgatacaGAggttaCATAAtgTtTGG...GccAcaCAtGCctGtgTaCCcACagAcC	232
ENVVA	-----.....-----	232
RF	--A-----A-A-----C-----A-----T-----T-----	232
WMJ22	--G-----AG-----C-----C-----	232
TB132	-----C-----	232
92BR020.4	-----CA-AG-----G-----C-----	228
92TH014.12	-----	228
92US711.14	-----	228
91US712.4	---C-----A-----	228
92US714.1	-----	228
92US715.6	-----	228
92US716.6	-----	225
92HT593.1	-----A-----A-----C-----	228
92HT594.10	-----G-----G-----C-----	228
92HT596.4	-----G-----G-----C-----	228
92HT599.24	-----G-----C-----C-----	228
91HT651.11	-----C-C-----C-----	225
RJS	-----C-----	232
GUN	-----C-----	147
SC	-----A-----	232
92BR014.1	-----T-----C-C-----	231
92TH026.6	-----	228
92BR021.6	-----C-----A-G-----A-----C-----	235
ACH9	-----C-----	112
ACP1	-----A-----	112
JM	-----	112
WM	-----AG-----T-----	112
P896	-----C-----	232
VE1	-----C-----	148
VE2	-----	148
VE3	-----	148
VE4	-----C-----	148
VE5	-----	148
VE6	-----AGC-----A-----	148
VE7	-----	148
VE8	-----T-----G-----AA-----	148
68A	-----	226
US1	-----G-----	229
US2	-----C-----T-----AG-A-----	232
US3	-----C-----	232
US4	-----CA-AG-----C-----C-C-----T-----	232
8020	-----TC-----A-----	148
17305	--C-----G-----A-G-----A-G-----	148
24612	-----	145
26807	-----	148
27290	-----C-----	148
27481	-----	148
4995	-----	148
CM237X	-----	128
91HT652.11	-----G-----C-----	225
3202A12	-----	232
3202A21	-----C-----	232
MANC	-----C-----C-----GG-----C-T-----	232
WEAU160	-----A-----	232
SAL1	-----GG-----	232

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	GAtgCTAAAGCaTATgAga?aGAAGtgCATAATGTcTGG...GCTACACATGCCTGTGtaCCCACAGacC	228
93MW959.18	-----G-----.	228
93MW960.3	-----CAG-----.	228
93MW965.26	--G-----A-----A-----T-----.	225
92BR025.9	--C-----T-C-----.	228
UG268A2	-----C-----.	232
SM145A	---T-----G-----.	232
D747	-----.	38
D760	-----A-----.	40
D1024	-----GA-----.	232
ZAM18A	-----G-----.	235
ZAM20A	-----T-----C-----.	232
DJ259A	-----A-AGT-----A-----.	226
DJ373A	-----C-----.	232
SE364A	-----G-----G-----.	232
CONSENSUS-D	GAtGCTaAAtCaTaaaacAGaggcaCATAatatacTGG...GCTACACAtGCCTGtGTaCCaACaGAcC	231
ELI	-----G-----.	232
Z2Z6	-----C-----.	232
Z6	-----C-----.	232
NDK	-----C-----.	232
92UG021.16	-----G-G-----.	228
92UG046.8	-----G-C-----.	250
92UG024.2	-----G-----GG-----C-----.	231
92UG038.1	-----T-A-----.	127
43425	-----C-----.	124
JY1	-----G-C-----.	232
43424E	-----C-----.	148
TZ005	-----G-G-----T-----G-----.	232
TZ012	-----G-GT-----A-----G-----.	232
TZ023	-----T-----G-----.	232
TZ030	-----G-G-----T-----G-----.	232
TZ053	-----C-----.	232
TZ064	-----G-C-----C-----.	232
TZ112	-----G-----A-----G-----.	226
UG269A	-----A-G-----.	232
UG274A2	-----C-----T-G-----.	232
SE365A2	-----G-----AA-----C-----.	232
CAR4020	-----G-----A-----G-----.	232
93ZR001.3	-----T-----.	228
GP120AA	-----A-----.	156
CONSENSUS-E	gATGCCAAaGCACAtgaGACaGAagTGCACAATgTcTGG...GccACACAtGCcTGtGTaCCcaCAgAcC	232
93TH966.8	-----.	228
93TH975.15	-----.	228
92TH011.5	-----T-----.	233
92TH006.5	-----A-----.	228
TN235	A-----.	232
TN239	A-----C-----.	232
TN241	-----G-----.	113
TN242	A-----.	232
TN243	-----G-----.	232
TN244	-----.	113
92TH022.4	-----T-----.	228
93TH976.17	-----.	228
CM240X	-----G-----.	232
CARELO	-----G-----.	232
CAR4017	-----A-----.	235
CAR4071	-----A-----.	232
CARMBA	-----C-T-----A-----.	230

**HIV1 ENV**

CONSENSUS-F	GATGCTAAATCATATGAaAaAGAgGtACATAATGTCTGG...	gCTACACATGCcTGTGTACCCACAGATC	229
BRA7944	-----G-----	-----	142
BZ163A	-----G-G-----	-----	229
BZ126A	-----	-----	229
93BR020.17	-----C-----	C-----T-----	228
93BR029.2	-----A-----	-----	225
CONSENSUS-G	GATGCTAaagCATAtagTACTGAaAgcCATAATgTcTGG...	GCTACACATGCCTGTGtaCCCACaGACC	231
LBV217	-----	-----T-----	232
RU511B	-----T---A-----	-----C-----	106
RU570	-----A-----	-----C-----	106
92RU131.9	-----T-----	-----C-----	228
47621	-----GA-----	T-----	130
47622	-----GA-----	T-----	130
92UG975.10	-----G-AA-----	T-----C-----	228
CAR4067	-----GGT-----	AA-----C-----G-----	232
CONSENSUS-O	GATGCTAACCTaACAAGCACTGAACAGCATAATATTGG...	GCAtCACAAAGCCTGtGTTCCtACAGAcC	232
ANT70	-----A-----	-----	235
MVP5180	-----	-----C-----T-----	238
VAU	-----T-G-----	A-----C-----	235
CONSENSUS-U	GATGCTAA??CATAT??A??GAA??CATAATGTCTGG...	GCTACACATGCCTGTGTA??CAGACC	186
CAR4081	-----AT-----AGT-CT---AAA-----	-----A-----	235
Z3	-----GG-----GAG-AA--TCG-----	-----T-----	232
CONSENSUS-A	gATGCTAaAGCatAtgatacaGAat?CATATGTcTGG?..	GctACaCATgCCTGTGTA??CAGACC	225
AD_K124A2	-----A-G-----G-----	-----	229
DA_MAL	-----T-----A-----G-A-----CA-----	-----G-----	232
AD_UG266A2	-----G-G-----G-G-----	-----A-----	232
CA_ZAM184	-----G-G-----G-G-----	-----	232
GX_VI525A2	-----T-----AG-----T-----GC-----	-----	232
EA_CAR4039	-----C-----C-----A-G-----G-G-----C-----	-----	232
FB_93BR019.10	-----T-----C-G-----GG-A-----	C-----	228
CD_DI2ACD	-----T-----A-AG-----GGCA-----A-----	-----	232
DA_TZ016	-----T-----AG-----GG-A-----	C-----	232
CONSENSUS-CPZ	?A?GC??????????AGTACAGAGG??CA?AAT?T?TGG...GC?AC??????TGTGT?CC?A?AGATC		105
CPZGAB	G-C-TAAGGCACAT-----CT---T---A-T-----C---ACAGGCA-----A---T-C-----		232
CPZANT	A-T-CTCCATGACA-----TG---C---G-A-----A---TACCA GT-----G---A-T-----		208

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	CcaacCCAcAaAGAaaTaccattTggaa...AATGTgACAGAAaagTTtaAcATgtGGAAaAAATAacATGGT	292
U455	-----G-----TC.....-----G-A-----	296
SF1703	--G-----T-----.....-----GG-----	299
IBNG	-T-----.....-----A-----	296
Z321	-----C--AG----GC.....-----A--G-----	299
92RW020.5	-----.....-----G-T-----G-----	295
92UG031.7	--G-----G-C-A-.....-----G-----	298
92UG037.8	-----T-A-----.....-----G-----	295
92RW009.14	--C-----.....-----G-----	295
TZ017	-----.....-----G-----C-----	299
UG275A	-----A-----A-----.....-----A-----	299
UG273A	-T-----G-----.....-----G-----A-----	299
VII191A	--G----A-----A-----TT.....-----G-C-C-----A-----	296
DJ264A	-T-----.....-----A-----A-----	296
DJ263A	-T-----.....-----A-----A-----	296
DJ258A	-T-----T-----A-----A-----	296
KENYA	-----.....-----G-----	299
CARGAN	-----A-----TC.....-----G-----	299
CARSAS	-----GG-----A-----.....-----T-----	299
CAR4054	-----A-AC-A-----A-----T-----T-----	299
CAR286A	-----T-----G-----C-C-----A-----T-----A-----GT-----	299
CAR4023	--G-----G-----C-C-A-----A-----T-----A-----GT-----	305
CAR423A	-----G---T-C-----.....-----A-----T-----GT-----	302
CONSENSUS-B	CcaacCCacaagAagTagtatTggaa???AaTGTgACaGAaaatTTTaAcatgTGGaaaAATAacATgGT	299
SF2	-----.....-----G-----	299
SF2B13	-----.....-----G-----	299
LAI	-----.....-----T-----.....-----G-----	302
HXB2R	-----.....-----T-----.....-----G-----	302
NY5CG	-T-----.....-----C-----	299
NL43	-----.....-----T-----.....-----G-----	302
JRCSF	-----.....-----A-----G-----	299
JRFL	-----.....-----A-----C-----	299
ALA1	-----A-----	299
JH32	-----.....-----A-----	299
BAL1	-----A-----A-----	299
YU2	-----AA-----	299
BRVA	-----T-----A-----G-----.....-----G-----	302
91US005.11	-----A-----A-----	310
91US006.10	-----.....-----G-G-----	316
BZ167A	-----A-----A-----T-----	317
MA208	-----T-----CC-----G-----	323
ETR	-----.....-----T-----	317
BA1A	-----A-----	299
MN	-----A-----T-----	299
QZ4589	-----G-----G-----	299
CAM1	-T-----	299
ADA	-----	299
JFL	-T-----AA-----.....-----G-----	299
SIM184	-T-G-----A-----.....-----T-----G-----	299
BCSG3C	-----GA-----A-----.....-----G-----	299
D31	--G-----.....-----G-----	299
SF162	-T-----A-----	299
OYI	-----G-----.....-----G-----T-----	299
SF33	-----C-----G-----	299
CDC42	-----	305
HAN	-----A-----G-----.....-----G-----	299

CONSENSUS-B	CcaacCCacaagAagTagtatTggaa???	AaTGTgACaGAAAatTTTaAcatgTGGaaaAATaacATgGT	299
ENVVA	-----C-----.	-----.	299
RF	-----C-----.	-----.	299
WMJ22	-----T-----A-----G-----.	-----T-----.	299
TB132	-----G-----C-----T-----.	-----A-----C-----A-----.	299
92BR020.4	-----A-----.	-----.	295
92TH014.12	-----G-----.	-----C-----.	295
92US711.14	-----G-----.	-----G-----.	295
91US712.4	-----.	-----.	295
92US714.1	-----.	-----.	295
92US715.6	-----G-T-----A-----.	-----.	295
92US716.6	-----T-----.	-----G-----.	292
92HT593.1	-----T-----.	-----C-----G-----.	295
92HT594.10	-----.	-----.	295
92HT596.4	-----C-----G-----.	-----.	295
92HT599.24	-----A-----.	-----G-C-----.	295
91HT651.11	-----A-G-A-----A-----.	-----.	292
RJS	-----AA-----A-----.	-----T-----.	299
GUN	-----T-----.	-----T-----G-----.	214
SC	-----T-----.	-----G-----.	299
92BR014.1	-----T-----G-AAG-----G-----.	-----G-----.	301
92TH026.6	-----G-----.	-----C-----G-----.	295
92BR021.6	-----T-----G-----.	-----G-----.	302
ACH9	-----G-----C-----.	-----.	179
ACP1	-----G-----AC-----A-----.	-----.	179
JM	-----C-----A-----CC-----AT-----.	-----C-----.	179
WM	-----G-----.	-----.	179
P896	-----G-----.	-----.	299
VE1	-----G-----G-----.	-----T-----.	215
VE2	-----A-----AA-----.	-----A-----T-----.	215
VE3	-----.	-----.	CCT-----.
VE4	-----T-----A-----T-----TC-----G-----.	-----T-----T-----.	215
VE5	-----A-----T-----.	-----.	215
VE6	-----AC-----.	-----G-----.	215
VE7	-----T-----AAC-----T-----.	-----A-----G-----.	215
VE8	-----G-----.	-----.	215
68A	-----G-----.	-----.	293
US1	-----A-----C-----.	-----G-----.	296
US2	-----G-----A-----T-----CC-----.	-----.	299
US3	-----T-----G-----.	-----.	299
US4	-----G-----AAT-----AAC-----.	-----.	299
8020	-----T-----.	-----T-----G-----.	215
17305	-----A-----.	-----G-A-----.	215
24612	-----G-----.	-----.	212
26807	-----AG-----.	-----GC-----G-----.	215
27290	-----A-----G-----.	-----.	215
27481	-----A-----A-----.	-----.	215
4995	-----G-----.	-----G-----.	215
CM237X	-----G-----G-----.	-----C-----.	195
91HT652.11	-----.	-----T-----.	292
3202A12	-----G-----.	-----T-----.	299
3202A21	-----C-----.	-----G-----G-----.	299
MANC	-----A-----.	-----T-----G-----.	299
WEAU160	-----.	-----.	299
SAL1	---G-----A-----CAT-----TG-----.	-----.	299

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	CCaacCCACAAgAaaT?gtTttGGaA...AATGTAACAGAAatTTAACATGTGGaaAAATGacATgGT	294
93MW959.18	-----A-G-----.....-----A--	295
93MW960.3	---T---G-A---G-----.....-----	295
93MW965.26	-----G-----.....-----T-----T-----	292
92BR025.9	---T---G-----.....-----G-----	295
UG268A2	-----A-C-----G-----.....-----	299
SM145A	---G-----GC-----G-----.....-----T-----	299
D747	-----G-G-----G-----.....-----G-----	105
D760	--G-----A-----.....-----G-----	107
D1024	-----G-----.....-----	299
ZAM18A	-----A-----G-----.....-----	302
ZAM20A	---G-----G-----C-----C-----	299
DJ259A	---G-----G-C-A-C-----.....-----G-----	293
DJ373A	---G-----G-C-A-A-----.....-----G-----	299
SE364A	-----G-----G-----.....-----T-----	299
CONSENSUS-D	CcaAcCCACaAGAAaTagaacTggaa...AATGTcaCaGAaAAcTTTaACAtgTGGAAaATAacATGGT	298
ELI	-----C-----.....-----G-----.....-----	299
Z2Z6	-----.....-----G-----.....-----G-----	299
Z6	-----.....-----G-----.....-----G-----	299
NDK	-----T-----G-----.....-----	299
92UG021.16	-----T-A-----G-----C-----.....-----	295
92UG046.8	-----G-----A-----.....-----G-----	317
92UG024.2	-----G-----C-A-----.....-----	298
92UG038.1	-----G-----.....-----	194
43425	-----T-----G-----.....-----	191
JY1	-----G-----A-G-----T-----.....-----	299
43424E	-----T-----G-----T-----.....-----	215
TZ005	-----TTT-----A-----T-----.....-----GG-----	299
TZ012	-----G-----ATG-A-----T-----.....-----	299
TZ023	-----A-----A-----.....-----	299
TZ030	-----TTT-----A-----T-----.....-----GG-----	299
TZ053	-----G-----A-----.....-----	299
TZ064	-----G-----A-A-----.....-----	299
TZ112	-T-T-G-----AT-A-----.....-----	293
UG269A	-----G-----A-T-A-----C-----.....-----T-----	298
UG274A2	--G-----G-----AG-A-----G-----	299
SE365A2	-----C-----.....-----	299
CAR4020	-----G-G-A-----T-----.....-----	299
93ZR001.3	-----A-----.....-----	295
GP120AA	-----G-----.....-----C-----G-----	223
CONSENSUS-E	CcAAccCacaagaaaata?acctggaa...aatgtaacagaaaatttaaacatgtggaaaataacatgg	298
93TH966.8	-----C-----.....-----A-----.....-----	295
93TH975.15	-----C-----.....-----	295
92TH011.5	-----T-----.....-----.....-----.....-----	241
92TH006.5	-----G-----C-----.....-----	295
TN235	-----C-----.....-----	299
TN239	-----T-----.....-----	299
TN241	-----C-----.....-----	180
TN242	-----C-----.....-----	299
TN243	-----T-----.....-----C-----.....-----	299
TN244	-----G-----.....-----	180
92TH022.4	-T-----T-----.....-----	295
93TH976.17	-----C-----.....-----A-----.....-----	295
CM240X	-----C-----.....-----	299
CARELO	-T-----T-A-----C-----.....-----	299
CAR4017	-----T-A-----.....-----C-----.....-----	302
CAR4071	-----TT-T-----.....-----	299
CARMBA	-----G-----T-A-----.....-----T-----	296

CONSENSUS-F	CCaATCCACAAgAGTAgttCTGgAA...AATGTAACAGAAAatTTTgATATGTGGaAAAATAaCATGGT	296
BRA7944	--G-----G-----AG---A-----.	209
BZ163A	-----.	296
BZ126A	-----.	296
93BR020.17	-----.	295
93BR029.2	-GG--A----G-----	292
-----T-----.		
CONSENSUS-G	CCAAcCCACAAGAGaTa?ctCTg?Aa...AATgTAACAGAAAatTTTAA?ATGTGGAAAATAACATGGT	295
LBV217	--T-----A---T---A-C-----C-----	299
RU511B	-----A---G-----G-A-----T-----	173
RU570	-----A-C-----G-----A-----T-----	173
92RU131.9	-----A---G-----T-----	295
47621	-----T-GGA---A-----C-----	197
47622	-----T-GGA---A-----C-----	197
92UG975.10	-----C-C-C-AA-----C-----	295
CAR4067	-----GT---G-----T-----	299
CONSENSUS-O	CCA?TCCA?ATGAATAccacTa?ac...AATGTGACAGAGaTaAcTTtaATATATGGAAAATTACATgGT	296
ANT70	---C---T-----T-GC-----G-----	302
MVP5180	---A---C-----T-----GG-----G-----	305
VAU	---G---A-----GAG---A-A-----G-----A-C-----T-A--	302
CONSENSUS-U	CCA?CCCACAAGA??TA?TTTT?G?A...AATGTAACAGAAAA?TTAACATGTGGAA?AATAA?ATGGT	244
CAR4081	---A-----AA---C-----A-A-----G-----A-----C-----	302
Z3	---G-----GC---G-----G-G-----C-----G-----A-----	299
CONSENSUS-A	CcaacCCACaAGAaaTaccattTggaa...AATGTgACAGAAAagTTtaAcATgtGGAAAAATAacATGGT	292
AD_K124A2	-----.	296
DA_MAL	-----G-AC-----C-----GG-----	299
AD_UG266A2	-----G-----A-AC-A-----C-----C-----	299
CA_ZAM184	-----GT-----A-----T-----G-----	299
GX_VI525A2	-----G-----TC-C-----A-----T-----A-----	299
EA_CAR4039	-----T-CA-----A-----T-----	299
FB_93BR019.10	-T-----G-GTA---G-----T-----G-----	295
CD_DI2ACD	---G-----GGT-----A-----T-----G-T-----	299
DA_TZ016	-----GT-----A-----T-----GG-----	299
CONSENSUS-CPZ	C???TCCT???G?AGT????CT????...AAT????AG??T?TTTAA????T?AAAAT?ATATGGT	141
CPZGAB	-CAG---CAG-A---ATT---TCCA-----GTAAT--AA-CA---CATG-GG---A-----	299
CPZANT	-AGA---ATT-T---TAGG-C.....ACCTC-TC-GG---TGCT-AT---T-----	272

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	aGAgCAgATgcAtgaaGATAcAtcAGtcTATGGGAc...cAaAGcCTAAgCCATGTgTaaAgtTAaCC	359
U455	----T-----	363
SF1703	-----AC-----	366
IBNG	---A-----T-----	363
Z321	-----G-G-----T-----T-----T-----	366
92RW020.5	-----AC-----T-----T-----G-----A-----A-----	362
92UG031.7	---A-----AC-----	365
92UG037.8	-----AC-----	362
92RW009.14	-----AC-----	362
TZ017	G-----AC-----T-----T-----A-----A-----A-----	366
D687	-----T-----	43
UG275A	-----T-----	366
UG273A	-----AC-----	366
VII91A	-----G-----	363
DJ264A	---A-----T-----	363
DJ263A	---A-----T-----	363
DJ258A	---A-----T-----	363
KENYA	-----AC-----T-----	366
CARGAN	---A-----AC-----C-----	366
CARSAS	---A-----AC-----C-----	366
CAR4054	---A-----G-----T-----T-----G-----T-----A-----AC-----	366
CAR286A	---A-----CG-----G-----T-----T-----G-----	366
CAR4023	---A-----G-G-----T-----CT-----T-----G-----A-----C-----	372
CAR423A	---T-----G-----T-----T-----G-----	369
CONSENSUS-B	agAaCAgATGcAtGAggaTaTAatcAgttTATGGgat...cAaagccTaAAgCCaTGtGTaaaatTaaCc	366
SF2	-----G-----	366
SF2B13	-----G-----	366
LAI	-----	369
HXB2R	-----	369
NY5CG	---A-----	366
NL43	-----	369
JRCSF	-----G-----G-----A-----	366
JRFL	-----G-----	366
ALA1	-----	366
JH32	-----	366
BAL1	---A-----	366
YU2	---A-----	366
BRVA	-----	369
91US005.11	-----A-----A-----G-----GC-----C-----	377
91US006.10	---T-----C-----C-----	383
BZ167A	---A-----G-----	384
MA208	---A-----	390
ETR	---A-----A-----	384
BA1A	-----	366
MN	-----	366
QZ4589	-----	366
CAM1	-----	366
ADA	-----	366
JFL	-----	366
SIMI84	-A-----	366
BCSG3C	-----G-----	366
D31	-----	366
SF162	-----	366
OYI	-----A-----A-----A-----	366
SF33	---C-----G-----	366
CDC42	-----C-----	372
HAN	-----G-----A-----	366

CONSENSUS-B	agAaCAGATGcAtGAggaTaTAatcAgttTATGGgat...cAaagccTaAAgCCaTGtGTaaaatTaaCc	366
ENVVA	-----..-----.	366
RF	.....	366
WMJ22	.....-----A-----	366
TB132	.....-----A-----G-----T-----G-----	366
92BR020.4	.....-----T-----G-----	362
92TH014.12	-----A-----G-----T-----	362
92US711.14	-----A-----T-----	362
91US712.4	-----A-----T-----	362
92US714.1	.....-----A-----G-----	362
92US715.6	.....-----T-----	362
92US716.6	-----A-----T-----	359
92HT593.1	-----G-----	362
92HT594.10	-----T-----	362
92HT596.4	.....-----A-----G-----	362
92HT599.24	-----C-----A-----	362
91HT651.11	.....-----C-A-----A-----	359
RJS	.....	366
GUN	.....G-----TT-----	281
SC	.....	366
92BR014.1	.....	368
92TH026.6	-----G-----A-----	362
92BR021.6	---G-----T-----C...-----	369
ACH9	.....	246
ACP1	---T-----	246
JM	-----A-----	246
WM	-----A-----	246
P896	---T-----G-----	366
49L1R	-----	3
VE1	.....	282
VE2	---T-----	282
VE3	.....	282
VE4	.....	282
VE5	.....	282
VE6	-----G-----A-----G-----A-----	282
VE7	-----C-----C-----	282
VE8	-----A-----T-----G-----	282
68A	.....	360
RJSP3	.....-----GC-----	22
US1	-----G-----	363
US2	.....-----T-----G-----G-----	366
US3	.....	366
US4	G-----C-----	366
8020	-----C-----G-----	282
17305	G-----T-----	282
24612	-----T-----T-----C-----	279
26807	.....	282
27290	.....	282
27481	-----C-----C-----	282
4995	.....-----T-----	282
CM237X	-----A-----	262
91HT652.11	-----C-----G-----	359
3202A12	-----C-----T-G-----	366
3202A21	-----A-----	366
MANC	-----G-----G-----	366
WEAU160	-----A-----T-----A-----	366
SAL1	-----G-----T-----G-----A-----C-----	366

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	ggAtCAgATGCATgAgGATAATCaGttTATGGGAT...caAagccTaAAgCCATGTGtAaagtTgACc	361
93MW959.18	A-----C-----.	362
93MW960.3	A-----A-----G-----.	362
93MW965.26	-A-----A-----C-----.	359
92BR025.9	--A-----C-----C-----.	362
UG268A2	-----C-----G-----C-----.	366
SM145A	-----.	366
D757	-----.	43
D747	-A-----G-----.	172
D760	-----A-----G-----.	174
D1044	-----.	4
NOF		A-GTT-----
SH750		-----
DLU		-----
D1024	-A-----G-----C-----.	366
D744	C-----G-----C-----.	42
D808	-----.	45
D868	-----.	36
ZAM18A	-----G-----.	369
ZAM20A	-----.	366
DJ259A	-----C-----C-----.	360
DJ373A	-----C-----G-----G-----.	366
SE364A	A-----.	366
U0GOM	-----.	9
BOOYD	-----.	9
CONSENSUS-D	GGAgCAgATgCATgagGATAatcAGTtTAtGGGAt...cAAAgccTaAAaCCaTGTGTAAAatTAACc	365
ELI	---A-----.	366
Z2Z6	---A-----.	366
Z6	---A-----C-----.	366
NDK	---A-A-----.	366
92UG021.16	-----T-----.	362
92UG046.8	-----G-----C-----.	384
92UG024.2	---A-A-----G-----.	365
92UG038.1	-----C-----.	261
43425	---A-A-----.	258
JY1	-----A-----.	366
43424E	---A-A-----.	282
TZ005	---T-----C-----.	366
TZ012	-----C-----.	366
TZ023	-----.	366
TZ030	---T-----C-----.	366
TZ053	-----G-----.	363
TZ064	-----C-----A-----.	366
TZ112	-----A-----.	360
UG269A	-----G-----.	365
UG274A2	-----A-----.	366
SE365A2	-----A-----.	366
CAR4020	---A-----.	366
93ZR001.3	-----T-----.	362
GP120AA	-----.	290
CONSENSUS-E	agagcagatgcaggaggatgTAATCAgtTTATGGGAT?..cAaAGtCTaAAgCCATGTGtAaagtTAACT	365
93TH966.8	-----C-----.	362
93TH975.15	-----.	362
92TH011.5	.....-----C-----.	288
92TH006.5	.....	362
TN235	-----.	366
TN239	-----.	366
TN241	-----.	247
TN242	-----.	366
TN243	-----.	366
TN244	-----.	247
92TH022.4	-----.	362
1643E	-----C-----.	42
93TH976.17	-----.	362
CM240X	-----.	366
CARELO	-----.	366
CAR4017	-----A-----.	369
CAR4071	-----G-----G-----C-----.	366
CARMB	---A-----T-----CA-----.	363

CONSENSUS-F	AGAACAAATGCatACAGATATAATCAGTTATGGGAT...	CAAAGCCTAAAGCCATGTGTGAAGTTAAC	363
BRA7944	-----C-----.	-----.	276
BZ163A	-----.	-----.	363
BZ126A	-----.	-----.	363
RJI03	-----	-----.	24
93BR020.17	-----.	-----.	362
93BR029.2	-----.	-----.	359
CONSENSUS-G	AgAACAgATGCATGAGGATATAATcAG?tTATGGGAT...	GAAaGccTAaAgCCATGTGTAAAa?TAACC	360
LBV217	-----C-----.	-----T-----.	366
RU511B	-----CC-----.	-----T-----.	240
RU570	-----TC-----.	-----T-----.	240
92RU131.9	-----TC-----.	-----T-----.	362
47621	-C----A-----C-----.	G-A-----A-----C-----.	264
47622	-----A-----C-----.	G-A-----A-----C-----.	264
92UG975.10	-----T-----.	-----AC-----.	362
CAR4067	-----T-T-----.	T-G-----C-----.	366
CONSENSUS-O	aGAccAAATGCA?GAAGACATTATtagTTTgTGGGAc...	CAGAGTtTaAAaCCTTGtGttcAAATGACT	362
ANT70	---A-----G-----A-----.	-----C-T-----.	369
MVP5180	G-----T-----C-----A-----.	-----G-----AGA-----.	372
VAU	-----C-----AGA-----.	-----.	369
CONSENSUS-U	AGA?CAGATGCATGAGGATATAATCAGTTATGGGAT...	?AAAGCCT?AA?CCATGTGTAAAa?TAACC	307
CAR4081	---A-----.	G-----A-----A-----C-----.	369
Z3	---G-----.	-----C-----T-G-----.	366
GM4	-----.	-----A-----.	9
CONSENSUS-A	aGAgCAGATgcAtgaaGATaTaAtcAGtcTATGGGAc...	cAaAGcCTAAgCCATGTgTaaAgtTAaCC	359
AD_K124A2	---A-----AC-----.	-----.	363
DA_MAL	G-----G-----T-----T-----.	A-----C-----.	366
AD_UG266A2	G-----G-----T-----G-----.	A-----A-----A-----.	366
CA_ZAM184	G-----T-----G-----T-G-----T-----.	-----A-----.	366
GX_VI525A2	---A-----G-----T-----T-----T-----G-----T-----.	-----G-C-----.	366
BF_RJI01.5	-----.	C-----T-----G-A-----.	34
EA_CAR4039	-----G-G-G-----T-----T-----T-----.	C-----T-----T-----.	366
FB_93BR019.10	---A--A-----AC-----T-----T-----.	-----G-----.	362
CD_DI2ACD	G-----T-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----.	-----A-----.	366
DA_TZ016	G-----T-----C-G-----T-----A-----T-----.	C-----A-----A-----.	366
CONSENSUS-CPZ	?GA????ATG??GAAGA?AT??T????T?T??A?...CA?AG?C?AAGCC?TGTGTAAA?T?AC?	178	
CPZGAB	G--CCAA---CAT---C--TA-CAGTC-C-GGG-T...G--T-TC-----T-----GT-G--C	366	
CPZANT	A--AAGT---ACA---T--GN-ACAAT-A-TCC-A...A--C-AT---A-----AC-A--A	339	

## HIV1 ENV

		<- tev or tnv in LAI/IIIB \\ 3'sj in LAI/IIIB	
CONSENSUS-A	CCtCTCTGcGTtACtTTaaatTgt...	a?t?????????????????????????aa??tcac??	391
U455	-----G----C..CA-----	-----CA---CA	400
SF1703	-----GCCAT.....	-----CA---CA	406
IBNG	-----G....CA-AATTTC.	-----CAA--GCT	406
Z321	-----C----G--C..CA-----	.....	393
92RW020.5	-----G----A-----	GCCAC-G-CT	399
92UG031.7	-----T----G----C----CCACTGTCGAC	-----CAC---GA	411
92UG037.8	-----G----GCTAT.....	-----CA---CA	402
92RW009.14	-----G-G----AC.....	-----CA---CA	399
TZ017	--A----T-C-C----C-C..C-GAATGGAAGAAT.....	--TGC---T.	414
D687	-----C----G-----G-----	G-CG---C.	79
UG275A	-----G-GATGTCAAT.....	--TG---TG	412
UG273A	-----CCAATGCC.....	--CC---CA	409
VII191A	-----G-A----CA-----	.....	390
DJ264A	-----G----CA-----	-----C.....	393
DJ263A	-----T----G----CA-AATGTC.....	--CAG--GC.	405
DJ258A	-----G-G----CA-----	--TG---GCA	400
KENYA	-----C----GC.....	--TG--	399
CARGAN	-----C--G-A-C..CA-----	--ACC--	399
CARSAS	-----T----G-C----C-----	--TG-AG-T.	402
CAR4054	-----T-----C-GATGTAAGAAG.....	--TAG--T.	414
CAR286A	-----T-----C-GATGCAAAGATACTGACTAATGGAAGG--TAA--GTG	-----	433
CAR4023	-----T-----C-----C-GATGTAAAA.....	--TA---TG	418
CAR423A	-----T-----C-----C-----	--TG-A--TG	406
CONSENSUS-B	CCacTcTGTGTtacttTaaattgc...	actgat??g?????????????????????????????????????	397
SF2	-----TT-GGG.....	.....	402
SF2B13	-----TT-GGG.....	.....	402
LAI	-----G----G-----TT-GGG.....	AATGCTACTA	415
HXB2R	-----G----G-----TT-AAG.....	.....	405
NY5CG	-----C-----TT-ACG.....	.....	402
NL43	-----G----G-----TT-AAG.....	.....	405
JRCSF	-----AA----GT-----	.....	399
JRFL	-----AG----GT-----	.....	399
ALA1	-----C----T-----TATTTG	.....	402
JH32	-----T----TG-GGG.....	AATGATACTA	412
BALL	-----TT-AGG.....	AATGCTACTA	412
YU2	-----TTAAGG.....	.....	402
BRVA	-----CA----TTC.....	.....	402
91US005.11	-----TG-AGTAAG.....	.....	416
91US006.10	-----A----G----C-----	AATGTGACGG	423
BZ167A	-----T----C-----TATACT	AATAACCACT.	429
MA208	-----GCCACTATTAGA.....	.....	432
ETR	-----C-----TT-AGG.....	.....	420
BA1A	-----TT-AGG.....	AATGCTACTA	412
MN	-----TT-AGG.....	AATACTACTA	412
QZ4589	.....AAATTGAGA.....	AACAATATAA	415
CAM1	-----T----A----GTA.....	.....	399
ADA	-----TT-AGG.....	.....	402
JFL	-----T-A----TT-AAG.....	.....	402
SIMI84	-----A----TG-AAGAGTGCT.....	.....	408
BCSG3C	-----C-----GA-TTGAAG.....	.....	405
D31	-----CT-AAG.....	.....	402
SF162	-----C-C----A----TT-AAG.....	.....	402
OYI	-----G-----GTT.....	AATACCACTA	409
SF33	-----TATTTGGG.....	.....	405
CDC42	-----TT-AATACTAAT.....	.....	414
HAN	-----A-----TATAAT.....	.....	402

	<- tev or tnv in LAI/IIb \' 3'sj in LAI/IIb	
CONSENSUS-B	CCacTcTGTGTtacttTaaattgc...actgat??g?????????????????????????????????	397
ENVVA	-C-----TT-AAG.....	402
RF	.....GCTAACTTG.....	405
WMJ22	.....-T--AA-.....	399
TB132	.....A-TT-AGG.....	402
92BR020.4	.....-T--TT-....AATAATAGTA	405
92TH014.12	.....C-----TT-AGG.....	398
92US711.14	.....AA-TTG.....	398
91US712.4	.....T-----CT-AGT.....	398
92US714.1	.....C-----GATAATTGACGAATCTACTT	411
92US715.6	.....C-----CA-CT-AGG.....	398
92US716.6	.....G-T-----CT-GGG.....	395
92HT593.1	.....G-G-T..CA-----GT-AATGTGAATGGCACTGCT.....AATAATGGCA	423
92HT594.10	.....GT-GAG.....	398
92HT596.4	.....GT-AAG.....	398
92HT599.24	.....G-----GC-AGG.....	398
91HT651.11	.....C-----C-GCAGAG.....	395
RJS	.....A-----A-TG-AAG.....	402
GUN	--G-----A-TT-GTG.....	317
SC	.....A-----A-TT-AGG.....AATGATACTA	412
92BR014.1	.....GT-....	401
92TH026.6	.....TT-AGG.....	398
92BR021.6	.....GTT.....AATACCAATA	412
ACH9	.....AATTTG.....	282
ACP1	.....C-----GATTTGAGG.....	285
JM	.....A-----GCCTCGAGG.....AATGTTACTA	295
WM	.....A-----TGTGTAACITCA.....	288
P896	.....A-----A-TT-....AATATCACTA	409
BWB11A	.....A-----A-GATTTGGGG.....GATGCTACTA	34
49L1R	.....A-----AATTTG.....AATGTTACT.	48
VE1	.....C-----A-TT-AAG.....	318
VE2	.....C-----G.....	312
VE3	.....	300
VE4	.....C.....	312
VE5	.....T-----TT-AGG.....	318
VE6	.....	312
VE7	.....GC-----GT-AGCACAGATGGCAGGGATGAG.....	336
VE8	.....	312
68A	.....G-----GT-....	393
RJSP3	.....C-----T.....	52
US1	.....	393
US2	.....-C.....	396
US3	.....-A-....	396
US4	.....T.....AA-TTGACAGGTAGTACTAATGGCACAAATAGTACTA	433
8020	.....T..G-----A-TT-ACTTTA.....AATTGCACTA	331
17305	.....G-----A-....	312
24612	.....C-----TT-AAG.....	315
26807	.....C.....TACAATAATACTG	325
27290	.....C.....	312
27481	.....C.....	312
4995	.....T.....	312
CM237X	.....TT-AGG.....	298
91HT652.11	.....A-----GTCAAG.....	395
3202A12	.....G-----GA-----GT-....A	400
3202A21	.....TTGGG.....A	403
MANC	.....G-----TATGTAGGG.....AATGCTACTA	415
WEAU160	.....A-----GT-....AATGTGACTA	409
SALL	.....T-....	396
CB1	.....C-----TT-A-GT-AGTAAAAATTACACTAAGTAC	54
CB2	.....TT-GAA.....	36
CB3	.....	30
CB4	.....	30
CB5	.....C-C.....	30
CB6	.....	30
CB7	.....	36
CB8	.....-G-....AATTTG.....	30
CB9	--G-----	30

## HIV1 ENV

<- tev or tnv in LAI/IIIB \ 3'sj in LAI/IIIB		
CONSENSUS-C	CCACTcTGTGTCActTTAaA?TGt...aga?????????????	aatg?ta???
93MW959.18	-----T-----C-----	C--AC.
93MW960.3	-----T-----GCT-----	389
93MW965.26	-----C-----CTAATGCT-----	G--CTA
92BR025.9	-----T-G---C-C---C---T-----	CAGA-CTA
UG268A2	-----T-----T-----C-----	T--ATG
SM145A	-----T-----C-GAA-----	GC-AA--TT.
D757	-----T-----C-----	CA....
D747	-----C-T-----C-----	C--CCT
D760	-----G-G-----G--AATGTT-----	C--CC.
D1044	-----T-----G-A-----CAGGCT-----	TT--CC.
NOF	-----T-----C-GATGTAAGGTT-----	.....
SH750	-----T-----C-----	C....
DLU	-----T-----C-AGTGT-----	C--GTG
D1024	-----C---G-A-----G--AAGGTT-----	C--CC.
D744	-----A-----GAT-----	C--CCA
D766	-----G-A-----	T--CCA
D808	-----G-A-----	T--GCA
D868	-----G-A-----GAGGTT-----	A--CTA
ZAM18A	-----G-A-----G-----	T....
ZAM20A	-----A-----G-A-----G-----	TG-CTG
DJ259A	-----T-----T-----C-----T-----	T-CAGA
DJ373A	-----T-----C-----T-----	AAGGTTA
SE364A	-----C-----G-----	.....
U0GOM	-----T-----C-----	T--CAA
BOOYD	-----T-----T-----C-----	TA-AAG
CONSENSUS-D	CCaCTCTGTGTCACTtTaaAcTGC...Actga?????g????????????????????????????????ac??	397
ELI	-----T...-G---TGAATT-AGGAAC-----	408
Z2Z6	-----TA---TGAAGT-ATGGAG-----	408
Z6	-----A---TGAATCAGATGAATGGATGGGG-----	417
NDK	-----TGAATT-AGG-----	405
92UG021.16	-----ATGGAA-----	398
92UG046.8	-----C-T-----ATATAA-GCCCT-----	AATGCC--TA
92UG024.2	-----T-----GAATGGAAGAATGAA-----	AATGAA--TA
92UG038.1	-----C-----TGTG-----	AATAGT--T.
43425	-----C---T-----TTATTG-GGG-----	AACTAC--TT
JY1	-----T-----A-TGCTGG-GGG-----	405
43424E	-----C---T-----A-TGAATG-----	AACAGC--TG
TZ005	-----ATGGACA-----	402
TZ012	-----T---ATGGAA-----	AATGAA--TG
TZ023	-----G---ATGGAA-----	AATCCAATGCC--T.
TZ030	-----C-T-----A-----	TGG--A.
TZ053	-----G-----T-A-----	393
TZ064	-----T...-TG---ATGGAA-----	AATACA--TA
TZ112	-----G---G-----	390
UG269A	-----T-----AGCCAAATTC-----	AATGTC--TA
UG274A2	-----ATGGAA-----	402
SE365A2	-----GG---TATTCTAGT-----	GACGCC--TA
CAR4020	--T-----GC-----CGATTGGA-AATATTGCA-----	AACAGT-GCC
93ZR001.3	-----TGCAAG-GGG-----	AATAAT--TG
GP120AA	-----T-----T-----	320
CONSENSUS-E	CCTCtCTGcGTTACttTaaatTGT...accaatgct?????????????	aatttgacc?
93TH966.8	-----T-----	404
93TH975.15	-----T-----	398
92TH011.5	-----T-----NNT-----	332
92TH006.5	-----AAAGTG-----	404
TN235	-----C-----AAGTTGACCAATGCT-----	417
TN239	-----	408
TN241	-----G-----	289
TN242	-----C-----	408
TN243	-----T-----AAGTTGACCAATGCT-----	423
TN244	----C-----C-----T-----AATTGACCAAGCT-----	304
92TH022.4	----T-----	404
1643E	-----G---G-C-----	G--
93TH976.17	-----G-C-----ACTCTGAATTGTACC-----	419
CM240X	-----	408
CARELO	-----GG-----	T--A
CAR4017	-----G-----	T--A
CAR4071	-----T-----G-----A--GATTTAACACCACA-----	A--T....
CARMBA	-----T-----C-----GG---AATCTT-----	CT---A

<- tev or tnv in LAI/IIb \ 3'sj in LAI/IIb		
CONSENSUS-F	CCACTCTGTGTTACTTAAATTGT???actaatgcc?????.....	aatgccact? 405
BRA7944	.....G-----ACTGCT.....	A 325
BZ163A	.....ATT.....	408
BZ126A	.....C.....G----ACTCCT.....	411
RJ103	.....T--G--.....	54
93BR020.17	.....G----AGA-AC-T---ACC.....	G---CA 411
93BR029.2	.....CG.....	383
CONSENSUS-G	CCTCTCTGTGTTACTTAAACTGT...act?????????????	aAtGTaacct 397
LBV217	.....C-----AATGCAATCGCT.....	A 415
RU511B	.....GA.....	A-- 277
RU570	.....G.....	GA-- 277
92RU131.9	.....GA.....	G-- 399
47621	.....	T- 301
47622	.....	T- 301
92UG975.10	.....C----C.....G.....	A 399
CAR4067	.....	G-A--G-A-A 403
CONSENSUS-O	TTCtTgTGTGTACAAATGaA?TGT...acAgat?t??aaa?????????	AAtA?aaCa? 403
ANT70	...C-----G-G-----	-C-T-G-T. 405
MVP5180	...A-----C-----GT---C-GC---CA.....	-----A----. 420
VAU	...T-----A-CA---ATAGTATT.....	-----CC---A 424
CONSENSUS-U	ccTCTtTGTGTTACTTTAAaCTGT...AcT?????????	aata??ac?a 341
CAR4081	.....C.....	TA--C- 406
Z3	TT-----C-----T-GATGTAAG.....	-----GT--T- 412
GM4	.....C.....	..... 36
CONSENSUS-A	CCtCTCTGcGTtACtTTaaaATGt...a?t????????????????????????????????aa??tcac??	391
AD_K124A2	.....G-AATGTC.....	--TGG---GG 406
DA_MAL	--A----T--C-----C--C...-C-AATGTG.....	--TGGG--TG 409
AD_UG266A2	--A----T--C--C---C--C...-G-GAAGGGAGGGTT.....	--CAGAT--A. 414
CA_ZAM184	--C-----G-GATGCCACTAGTACCAATAGC.....	--CAC---T. 423
GX_VI525A2	--T-----C-----C-----C-----	--GG-A--CT 403
BF_RJ101.5	--G----T-----C-----C-----GATGCT.....	--CAC---TA 77
EA_CAR4039	-----T-----C-----CCAGGGCT.....	--TT-T--CA 409
FB_93BR019.10	--A----T-----C-C-----A-GCCACT.....	--CCAC---TG 405
CD_DI2ACD	--A----T--C-----C-----C-GAA.....	..... 396
DA_TZ016	--A----T--C-----C--C...-C-GAATGGACA.....	--CGG---TA 412
CONSENSUS-CPZ	CCT?T?TGT?TAA???TG?A?TG?...A?????????????????????????	194
CPZGAB	---T-A---G---CCT--C-G--C...-GTAAGGCTAACCTTAGCCAGGCAGGCAAAA.....	417
CPZANT	---A-G---A---AAA--A-T--T...-CAGGATAC.....	372

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	????????????????????????aa?a?ac????????????????aa?a??ac???	402
U455	TT.....--C-A--CAAT.....--C-AC-C..	423
SF1703	CCCAT.....--C-T--CACCAACAACCCC.....--T-TC-C..	441
IBNG	ACAGC.....--C-GT-GC.....--CCTA-T..	429
Z321	.....--C-T--CATCAAGGAC.....--T-AC-C..	420
92RW020.5	CC.....--TGT--CAAT.....	413
92UG031.7	ATGTC.....	425
92UG037.8	AT.....--T-T---C..	422
92RW009.14	ATGTC.....--C-A---TGTC.....	425
TZ017	.....--TGC---T..	432
D687	.....--C-A---CTTAGC.....	103
UG275A	TCACC.....--TCAT-GTATT	429
UG273A	ATGCC.....--T-AA-ATGCCAAGGTCAACAGGCCACG--TGGC-C..	453
VII91A	.....--C-G---CACCCCAGAT.....--C-AT-C..	417
DJ264A	.....--CGT---CTCTAAC.....--T-GG-C..	417
DJ263A	.....--T-G---GCACCTCTATC.....--C-GG-C..	432
DJ258A	ATAGC.....--T-C-T-TAGCTACAGG.....--C-TAT-T..	432
KENYA	.....--TGT---T..	423
CARGAN	.....--C-C---AGATAGCACCAAA.....--C-AC-GCGC	431
CARSAS	.....--CGA---GTACA..	414
CAR4054	.....	414
CAR286A	CTGGAGGACAGACCTGTACTGGAGTACAG--T-G---TGCT	474
CAR4023	.....--T-GT---TAGT..ACTGGGAATAGTGCT--T-CA-TAAA	458
CAR423A	TG.....--C-G---GTAT..AATGTAACCAAAACC--C-GT-GC..	447
CONSENSUS-B	????????????????????????aaatg?tact??t????????????aata??a?t??	412
SF2	.....--G-C---AA-ACC.....	426
SF2B13	.....--G-C---AAC.....	423
LAI	ATACC.....--AG-G-AA-ACC.....	444
HXB2R	.....--A---AA-ACC.....	429
NY5CG	.....--C---TA-GCC.....	426
NL43	.....--A---AA-ACC.....	429
JRCSF	.....--C.....	417
JRFL	.....--C.....	417
ALA1	.....--C.....	420
JH32	GCCCC.....--C----	435
BAL1	ATGGG.....--AC.....	435
YU2	.....--C.....	420
BRVA	.....--C.....	420
91US005.11	.....--A---TCGGGA.....	442
91US006.10	CTACT.....--G---C.....	437
BZ167A	.....--ACC--	449
MA208	.....ACTAATACC--AC--	461
ETR	.....--AC---AA-	443
BA1A	ATGGG.....--AC--	437
MN	ATACC.....AAT---AG---GC-AAT.....	444
QZ4589	GTAGT.....	420
CAM1	.....--AA---AGGACC.....	425
ADA	.....--T---AA-ATC.....	426
JFL	.....--T---AA-ATC.....	426
SIMI84	.....--AG---CAG-AATACC.....	437
BCSG3C	.....--C-----	425
D31	.....--C---AA-ACCAAT.....	429
SF162	.....--C-----	420
OYI	GTAGT.....AGTTTGAGG--C-----	441
SF33	.....--C---AA-ACC.....	429
CDC42	.....--AC-----	434
HAN	.....--CC-----	420

CONSENSUS-B	????????????????????????????aatg?tact??t????????????aata??a?t??	412
ENVVA	.....-----C---AA-ACC.....	417
RF	.....G.....	425
WMJ22	.....--CAT---GA-TGGAAG.....	428
TB132	.....A.....	411
92BR020.4	.....--CAA-A-.....	428
92TH014.12	.....C---AA-ACC.....	422
92US711.14	.....-T-AA-G-ACCTATAGCAAT.....	428
91US712.4	.....C---AA-ACGAAT.....	427
92US714.1	CG.....	413
92US715.6	.....A---AA-ACCACG.....	427
92US716.6	.....C---.....	413
92HT593.1	CTACT.....TC---GAGAGTGGTGTGTC.....	460
92HT594.10	.....AG---AA-GCC.....	422
92HT596.4	.....AG---AA-GTC.....	422
92HT599.24	.....AG---AA-GTC.....	422
91HT651.11	.....GGAA-GA-AC-GGG.....	419
RJS	.....A---GA-ACT.....	428
GUN	.....C---TA-AGT.....	341
SC	GCACC.....C-.....	435
92BR014.1	.....T---AA-ACTAAT.....	430
92TH026.6	.....C-.....	416
92BR021.6	GTACT.....ACC-.....	437
ACH9	.....AG---AA-TTGGGG.....	309
ACP1	.....A-.....	291
JM	AGAGG.....A---AA-GAGAATGCTACTGATAGT---ATGGGAC	341
WM	.....TGC---AA-TTGAGG.....	317
P896	AG.....AC-.....	429
BWB11A	ATACC.....AG---G-.....	48
49L1R	.....AATCCAACC.....AC---AC-ACTAGGAGT.....	78
VE1	.....	318
VE2	.....TGGGGG---CC---AA-ACT.....	333
VE3	.....	300
VE4	.....TTGAGT---C---AA-ACCAATAGTAGTGTGCT-C---CC-C-..	357
VE5	.....	329
VE6	.....	326
VE7	.....GGAAAT---C---CAA-GCCACTACG.....	363
VE8	.....TATGTTGG---AC---AG-ACCAAT.....	348
68A	.....T---GA-ACC.....	417
RJSP3	.....TGTAATGCTACCAATATCAAT---AGC-CAG-AGTAGTAGTTGCAATACC---AT-CC..	112
US1	.....CTGGTGAAACGCTACTAATACGGGG---C---AA-ACC.....	432
US2	.....TTCAGTAGG---A---AA-ACC.....	420
US3	.....TTGAAG---T-.....	411
US4	GTGCCACT...AATAGTACTAGTGGCACT---AG---AG-ACT.....	483
8020	AGAGG.....G---CA-ACC.....	360
17305	.....GTA---CC.....	336
24612	....AATAATGGTACTATGTCCAAT....AAT---AC---AA-GCCACC.....	357
26807	ATACTGCTACTAGTGCCACTAGT....AGT---G---GC-GCTGGTGCC.....	372
27290	....TATAATAATACTAACCCC....C---AA-ACT.....	345
27481	....ACTAATTCCATGAAT....AC---AA-ACCAATAGTAGTATC.....	354
4995	....TATGTGGGA---AC---AA-ACC.....	345
CM237X	.....	307
91HT652.11	.....	406
3202A12	ATACCACT.....	419
3202A21	ATGCTACT.....	422
MANC	ATACCACTAGC.....	440
WEAU160	ATTTGAAG.....	441
SAL1	.....AG---AA-ACC.....	426
CB1	.....TGGAAAG---A---AA-ACT.....	54
CB2	.....G---AA-GTCACT.....	54
CB3	.....TGGAAAG---A---AA-ACC.....	51
CB4	.....TATTGTAATGCTACTGATTGTAGG---A---AA-ACCACTAGTAAG.....	78
CB5	.....TGGACGAATCCT....C---AA-ACC.....	57
CB6	.....TATGCTACTAATACCACT---ACC---AG-AATAGTGGGGGAACG.....	75
CB7	.....GGGAATTGCACTGATAATTGGGG---T---GC-GGAATTGC.....	90
CB8	.....TATGTGGGG---C---AA-ACCAATAGTAGC.....	63
CB9	.....GATTGAAAG---A---.....	63

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	?t?????????.....	AAtg?taccaataat????????????aat???ac???	413
93MW959.18	.....--CAC-G-T-CC--.....	--GTA--TGC	424
93MW960.3	.....--T--T-TC-G-.....	--GAG--CTA	415
93MW965.26	A-AAT.....-----G---TGT---GTC.	-----GAT--C..	434
92BR025.9	T-GACTACAAT.....-----CAGA--TG--.....	-----C.....	425
UG268A2	T-.....-----AT-----GCT.	-----GCT--CAA	434
SM145A	.....-----AT-----G-GT-GGC.	-----GTT--CAG	434
D757	.....-----T-----T-G-AATGGT.	-----CTAC--T..	106
D747	A-AGT.....-----AG---T-C.....	-----AGT--CTA	237
D760	.....-----AT-----GGGGAAAAT.	-----CCT--CAA	251
D1044	.....-----C-----GC-AAC.	-----GCT--G..	73
NOF	.....-----C-----G-CAGTAAAT.	-----CATG--T..	80
SH750	.....-----T---TGG-----ACTAAA-C-GTT--TGA	74	
DLU	G-.....-----C-----G-GGT.	-----AAT--T..	81
D1024	.....-----AT-----GGG.	.....	426
D744	G-.....-----C-----G-GGG.	.....	96
D766	G-AATGGT.....-----G---T-C---GAGACCTAC.	.....-----GAG-GCGT	74
D808	G-AATGGT.....-----G---T-C---GAGACCTAC.	.....-----GAG-GCGT	125
D868	GAAATGGGTT.....-----T-----GGG.	.....	108
ZAM18A	.....-----T-----C-G-G.	-----AGC--GAA	428
ZAM20A	T-CCCAAGGAT.....-----AG---T-C---GGTGATATCAATAGT--ACT--CAT	455	
DJ259A	G-.....-----C-----T-CG-G.	-----AGC--AAA	425
DJ373A	C-GCTACCGGT.....-----G---GTGT---CCTAC.	-----AGC--AGA	443
SE364A	.....-----T-----CC-GCAAT.	-----GCC--CAG	422
U0GOM	G-AATATA.....-----T---AGG-----ATT--CAA	77	
BOOYD	T-.....-----A-----G-C-GGT.	.....-----GC-GCT--C..	75
CONSENSUS-D	?????????????????????.....	aatg?cact????????????????????aat???ac???	410
ELI	.....-----G-----ATGGGAAC.	-----GTC--TAC	437
Z2Z6	.....-----T-----AATGAAAGATAAT	-----GTC--AGA	440
Z6	.....-----T-----AGGGAAA.	-----GTC--AGA	443
NDK	.....-----CAG--AGGGC.	-----GGG--AGGT	428
92UG021.16	.....-----C-----CACT.	-----GCC--T..	419
92UG046.8	TT.....-----C-----GATAGGGACATA.	.....	459
92UG024.2	AGGGG.....-----AAA.	.....	431
92UG038.1	.....-----ATA--AGTACTAATGTG.	-----AAT--T..	333
43425	CGGGGAGC.....-----CAC-C-GAAATG.	-----CAAC--CAC	341
JY1	.....-----AAG--ACTAATGGGAAT.	-----ACT--T..	435
43424E	TGGGGAAC.....-----CAAT--TTAGTAATAAGGGAC.	.....-----G-AGC--C..	369
TZ005	.....-----C-G---AATGAG.	.....	417
TZ012	CCACT.....-----G-----AATGAG.	.....	432
TZ023	.....-----C-----AATGAG.	.....	432
TZ030	.....-----C-G---AATGAG.	.....	417
TZ053	.....-----TGGGAG--AAA--TGC	410	
TZ064	ATACT.....-----C---A.....-----TGTGGAACATGGGTA.	.....-----T--AAA.	441
TZ112	.....-----T-----AAGGAAAG.	.....-----GCC--T..	396
UG269A	GAGCCACTAATGGAAAG.....-----CACTGT-AGA.	452	
UG274A2	.....-----AC--GAACAGGAGAAG.	-----ACCG-T..	432
SE365A2	GTAACACCATTAGT.....-----C-T---GGAATACCG.	447	
CAR4020	TTACAAAC.....-----C-G-GCAAGAAGT.	-----GAT--AGA	458
93ZR001.3	GCAAT.....	.....-----GAATGGGG--TAT--TGA	416
GP120AA	.....	430	
CONSENSUS-E	?????.....????????aatgtcaataacataaccaatgtctctaacataataggaaatataaca..	455	
93TH966.8	.....-----T-C---G-C-----T-----A-----	452	
93TH975.15	.....-----A-----T-----A-----	440	
92TH011.5	.....-----G-----C-----A-----	380	
92TH006.5	.....-----G-----T-C-T-----C-C-G-----	449	
TN235	.....-----CA-----G-----C-----	465	
TN239	.....-----C-----	456	
TN241	.....	337	
TN242	.....-----G-----G-----A-C-----	447	
TN243	.....	471	
TN244	.....-----G-----	352	
92TH022.4	.....	452	
1643E	.....-----C-----T-----C-----T-----	129	
93TH976.17	.....-----G-----G-C-----T-----C-----	467	
CM240X	.....-----G-----G-----A-----	456	
CARELO	ATGCT.....ACCGATGCT-----T-CC--TGCT--TGC-AAA-T--T.	453	
CAR4017	AGGCT.....AATAGTACCG-G-CTGC-TTG-ATGG--G-TA-AG--T.	456	
CAR4071	.....-----C-----AG-AAAGC-AG-A-----	444	
CARMBA	ATGCT.....AATTCTACC---CT.	432	

CONSENSUS-F	?????????????????a?tgacact?????????????caaaacgg?	.....	421
BRA7944	CCACC.....-A-----.....	-C--A-C.....	348
BZ163A	.....-C-T-.....	-G---G.....	423
BZ126A	.....-C-----.....	-A-----.....	426
RJI03	.....GCC-CC-T-.....	-C--G-A-A.....	75
93BR020.17	ATGACACTATTGCCACC-A-----	.....	434
93BR029.2	.....-G-A-TG-CACTACCAACAGTACT-----AC	.....	416
CONSENSUS-G	atact?????.....	??????????.....	AATtgtAC
LBV217	-C-GC.....	.....	--AAG--
RU511B	G----AAAAAC.....	.....	296
RU570	G----AAAAG.....	.....	296
92RU131.9	G----.....	.....	412
47621	-----.....	AATGCAACC.....	323
47622	-----.....	AATGCAACC.....	323
92UG975.10	-C.....	.....	409
CAR4067	-C.....	.....	413
CONSENSUS-O	??????c?ta?????.....	aa?ga?ACAA?a.....	415
ANT70	.....	-GA---C-.....	414
MVP5180	....GG-C--TTA.....	--T--G----T-.....	441
VAU	ACAGTCC-T--AACTCA.....	--CA-T--.....	450
CONSENSUS-U	a?.....	aata??actgaag?a.....	354
CAR4081	-A.....	-----GT-----T-.....	423
Z3	-C.....	-----AC-----A-.....	429
GM4	.....	.....	36
CONSENSUS-A	?????????????????????aa?a?cac?????????????????aa?a??ac???	.....	402
AD_K124A2	GTGGC.....	--C-G--TACGGGTAA.....	438
DA_MAL	CTGTG.....	--TGGG-TAATGCTGGAGT.....	435
AD_UG266A2	.....	--TGG--TATTGGA.....	429
CA_ZAM184	.....	.....	423
GX_VI525A2	ACAATAGC.....	-CTGCAG-CAACAATAGATCATCCACTGTC-CC-CCC-TAC	452
BF_RJI01.5	GAAGTGGTACT.....	--T-A---CACTAGT.....	103
EA_CAR4039	ATTCT.....	--TTAT--CAAGGGT.....	429
FB_93BR019.10	GCACCAA.....	.....	413
CD_DI2ACD	.....	.....	396
DA_TZ016	ATGAG.....	G-C-TAGGA.....	426
CONSENSUS-CPZ	.....	???????A?C?????????????.....	196
CPZGAB	.....	.AACCT-A-A.....	426
CPZANT	.....	.AATGGAAC-C-TACAACACCAAGT.....	396

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	????????????????????????ga?	.atg	407
U455	.....AATATCACAGAT-GA	.G--	441
SF1703	.....AAAT-C	----	450
IBNG	.....AGT--C	----	438
Z321	.....AATGTAGATACT--A	----	438
92RW020.5	.....AAG--C	----	413
92UG031.7	.....ACCAATAGCTCAGTTA-C	----	434
92UG037.8	.....GAT--C	----	443
92RW009.14	.....	----	434
TZ017	.....	----	432
D687	.....TAT--C	----	112
UG275A	.....AGCAGT--C	----	441
UG273A	.....ATCCAGAGC	----	465
VII91A	.....ACCCAGTCCACT	---C	432
DJ264A	.....ATATCTAGG--C	----	432
DJ263A	.....ATAGATAGTA-A	----	447
DJ258A	.....AGT--A	----	441
KENYA	.....ACACAC-GG	.GGA	435
CARGAN	AGAA.....AACATGACCTTT--A	.GG-	453
CARSAS	.....	....	414
CAR4054	.....CTG--A	.GGC	423
CAR286A	.....GAG-TT	.GGC	483
CAR4023	.....GTG--T	..-GC	474
CAR423A	.....CAATCCTCTAAGTATAACATT--T	.GGA	474
CONSENSUS-B	????????????????????a????????a?????????atg	417	
SF2	.....-ATTGGAAAGAA	.GAA	441
SF2B13	.....-ATTGGAAAGAA	.GAA	438
LAI	.....-GCGGGGAA-TGATG	----	462
HXB2R	.....-GCGGGGAGA-TGATA	----	447
NY5CG	.....AGT	.GA-	432
NL43	.....-GCGGGGAGA-TGATA	----	447
JRCSF	.....AGTAGT-GTGAGGGA-TG	----	438
JRFL	.....AATGAT-GCGAGGGGA-CG	----	438
ALA1	.....AGTAGT-ACGGGACA-AG	----	441
JH32	.....AGTAGTGGCGGGGAA-AG	----	456
BAL1	.....AGTAGT-GCAGGGGA-TG	.G--	456
YU2	.....AGTAGT-GCTGGGAA-CG	----	441
BRVA	.....AGTAAT-GCGGGAAA-TG	----	441
91US005.11	TACCAAT.....AATAGT-GTGGCAA-TA	----	470
91US006.10	.....-TTATT	.-AC	446
BZ167A	TACCGTT.....-GTGGGAA-AG	----	471
MA208	TAGC.....GGGGAAAGTG	..-A-	477
ETR	TATC.....	GAGGAAAAG--	459
BA1A	TAGTAGC.....	AGGGAAATG--	456
MN	.....AATAGCGAGGAAACA	---A	462
QZ4589	.....GGGGAA-AG	----	432
CAM1	T.....TGGGAC-GGAGGGAAAGGAGAA	.AAG--	453
ADA	.....-GTGAGGGGA-TGAGA	----	441
JFL	.....TGGGA-AG	----	438
SIMI84	G.....	.GA-	441
BCSG3C	TACTAAT.....ACCCCTAGTGGTAGCTGG-AAAAG	----	459
D31	.....TGG-CGATGACAGGGAGAA	----	450
SF162	.....AGT-GTAATTGG-AAGAG	----	441
OYI	.....AGTAGT-GTTGGGAA-CG	----	462
SF33	.....-GTGGGGGA-CG	.G--	444
CDC42	ACTATCA.....ATAATAGTAGTTGGAACAA	.CG-	465
HAN	.....TGGGA-GG	----	432

CONSENSUS-B	????????????????????????a????????a????????.....	????????????atg	417
ENVVA	.....ACTAGTAGTAATACCAAT-GTAGTAGT.....	TGGGAAATG--	456
RF	.....AGCGGGGAACA-TG.....	---A	447
WMJ22	A.....	....A	432
TB132	.....GTAAAAA-CAGGG.....	....A	411
92BR020.4	.....	....A	443
92TH014.12	.....	....A	425
92US711.14	.....GAAGGA.....	....GAA	437
91US712.4	.....AATAGT-GCGCGGGA-TGATG.....	....---	455
92US714.1	.....AATGTT-CTTCAGAA.....	....ATGAGA	434
92US715.6	.....ACCACGAGT-GTGAGACA-TG.....	....---	455
92US716.6	.....AGTAGC.....GGGAGA-TG.....	....---	431
92HT593.1	TGTCACTAGTAATAATGTCACTAATAGT-ATTGGGGA-CA.....	....---	503
92HT594.10	.....-GTGGGGA-TA.....	....A	437
92HT596.4	.....-GTGGGGGG-TA.....	....A	437
92HT599.24	.....GTGAA-AG.....	....G-A	434
91HT651.11	.....AGTAGTGGAA.....	....A	431
RJS	T.....AGTAGT-GTGGGAA-AA.....	....---	450
GUN	.....TGGGAA-AG.....	....---	353
SC	.....AGTAGT-ATCGGGGA-AG.....	....---	456
92BR014.1	TACA.....AATAGTAGT-GGTTGGAAGAG.....	....---	458
92TH026.6	.....AGTACG.....	....---	425
92BR021.6	T.....ACCACTAGT-GTTGGGAA.....	....-AC	459
ACH9	.....	....GAT	312
ACP1	.....TGGGAACAG.....	....---	303
JM	TGCTACT.....AGTGGGAAT.....AAAAT-TG.....	....---	369
WM	TACCAAA.....AGTAGTAGC.....AAGGAA-TA.....	....---	345
P896	.....AGTACGAGC.....TGGGGA-TG.....	....---	450
BWB11A	.....AGCGAG.....GGA-TG.....	....---	63
49L1R	.....	....CCTATCACTAAA	93
VE1	.....AATGCCACTGATAACGAT.....	....---	336
VE2	.....AATATT-GTAGCGGG.....	....GGAGCG	357
VE3	.....	....ATGCC	306
VE4	.....AGTGGTACTACT-ATACCAAT-GTAGTAGC.....	....GAGGAAAAG--A	399
VE5	.....ACTACT-AT.....AAT-CCAGTAGC.....	....TGGGAAACG	366
VE6	.....TTCA.....AATAGTAATACT-ATGTCACTGAGAGTGGG.....	....TGGGCAAAG	372
VE7	.....	....---	366
VE8	.....	....ACTGGAAT-GT	360
68A	.....ACTAATGCCACT-TTGGTAGC.....	....TGGGAAAAG	450
RJSP3	.....AGCACCA-ATAATAGT.....	....AGTTTGGG-AC	139
US1	.....ACT-GTAGTAGC.....	....TGGGAAAAGC-A	456
US2	.....AAT-ATAGTAGT.....	....GGGGAAAAG	444
US3	.....TACACCAAT-GTAGTAGT.....	....GGGGAAAAC	441
US4	.....GATAGT.....	....TGGGAAAAG	501
8020	.....AATTGGGG-ATGATGCT-ATACC.....	....ACTATTAGT-GT	396
17305	.....ACTTAT-CCAATAAT-GTAGC.....	....AAGGAAATA	369
24612	.....	....AGTAAT-GC	366
26807	.....CTAGTAGT-GCGGA.....	....GAAATGTTAGA	399
27290	.....ACTAATGCCACTAGT-GTATC.....	....GAGGGAGAG--A	378
27481	.....	....GAAGAAACG--A	366
4995	.....AAT.....	....AGCACTACT-GT	360
CM237X	.....AATACC-GTAGTACG.....	....---	325
91HT652.11	T.....AATATT-CAAGG.....GGAATG.....	....---	428
3202A12	TACCACT.....AGTAATGGTGG.....	....ACAGGAGAA--A	450
3202A21	.....TAGTAGC.....	....GGGGTTATA--A	441
MANC	T.....AGTGGGA-GTTGG.....	....GGAGCG	462
WEAU160	.....-GTGGA.....	....GGGGAAAAG	459
SAL1	.....ACT-ATACTAAT-TCACT.....	....GAGGGAACGC	456
CB1	.....ACTAAC-GTAGC.....	....TGGGAAAG--A	78
CB2	.....AAT-GTAGT.....	....TGGGAAACG--A	75
CB3	.....-ATAGTGGT-GTTAT.....	....GGGGAACCG--A	78
CB4	.....-CCACTAGT-ATGGT.....	....TGGGAAAGG	105
CB5	.....ACTAGT-ATAAC.....	....GAGGGAACG--A	81
CB6	.....	....G--	78
CB7	.....TTGAGAATGATAATAATGTCACTAAT-GTTGG.....	....GAAAGACCGCA	135
CB8	.....	....AGAGGGAAAAG	78
CB9	.....	....ATAGGGAAATG--	78

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	???????????	.....	?????????????????????????	.....	.....	???????	413
93MW959.18	T....ACCAAT	.....	AATGTAACC	.....	.....	.....	440
93MW960.3	T.....	.....	.....	.....	.....	.....	416
93MW965.26	.....	.....	.....	.....	.....	ATG	437
92BR025.9	.....	.....	.....	.....	.....	ATG	428
UG268A2	TAGCCCCTAC	.....	GAAAATGGGAACTC	.....	.....	ATG	462
SM145A	T.....	.....	AATGACAATAAG	.....	.....	.....	447
D757	.....	.....	.....	.....	.....	.....	106
D747	CAAT	.....	.....	.....	.....	.....	241
D760	TATTACCAAT	.....	AATAGG	.....	.....	.....	267
D1044	.....	.....	.....	.....	.....	.....	73
NOF	.....	.....	.....	.....	.....	.....	80
SH750	TAAT	.....	AATGCCACCATAAGAAC	.....	.....	ATG	99
DLU	.....ATTACCGAT	.....	.....	.....	.....	.....	90
D1024	.....	.....	.....	.....	.....	.....	426
D744	.....	.....	.....	.....	.....	.....	96
D766	G.....	.....	.....	.....	.....	.....	75
D808	G.....	.....	.....	.....	.....	.....	126
D868	.....	.....	.....	.....	.....	.....	108
ZAM18A	G.....	.....	.....	.....	.....	.....	429
ZAM20A	GAAA	.....	.....	.....	.....	.....	459
DJ259A	A.....	.....	.....	.....	.....	.....	426
DJ373A	A.....	.....	.....	.....	.....	.....	444
SE364A	T.....	.....	AATGATAACCTAAT	.....	.....	.....	438
U0GOM	T.....	.....	.....	.....	.....	.....	78
BOOYD	.....CACAATATT	.....	.....	.....	.....AACATG	.....	90
CONSENSUS-D	???????????	.....	???	.....	.....	.....	410
ELI	AGAGGAG	.....	.....	.....	.....	.....	444
Z2Z6	GGAA	.....	.....	.....	.....	.....	444
Z6	GGAC	.....	.....	.....	.....	.....	447
NDK	AGAAGAGGAG	.....	.....	.....	.....	.....	438
92UG021.16	.....	.....	.....	.....	.....AATGAG	.....	425
92UG046.8	.....	.....	.....	.....	.....	.....	459
92UG024.2	.....	.....	.....	.....	.....GTGGACCCTGATAAG	.....	446
92UG038.1	.....	.....	.....	.....	.....AGCATA	.....	339
43425	T.....	.....	.....	.....	.....	.....	342
JY1	.....	.....	AATCAGGAGGAACAGATG	.....	.....	ATG	456
43424E	.....	.....	.....	.....	.....	.....	369
TZ005	.....	.....	.....	.....	.....	.....	417
TZ012	.....	.....	.....	.....	.....	.....	432
TZ023	.....	.....	.....	.....	.....	.....	432
TZ030	.....	.....	.....	.....	.....	.....	417
TZ053	CAATGCCACT	.....	.....	.....	.....AAGGGG	.....	426
TZ064	.....	.....	.....	.....	.....ATGCCACTAGTG	.....	453
TZ112	.....AATGCCACT	.....	AATGGAAATGCCACTAATAAT	.....	.....	.....	426
UG269A	.....	.....	.....	.....	.....AAGGGG	.....	458
UG274A2	.....	.....	.....	.....	.....GTACCGGGAGTACAACATCT	.....	453
SE365A2	.....	.....	.....	.....	.....ATGATGGGAAA	.....	459
CAR4020	C.....	.....	AATAACCATAACAAACAGTACCAATACTAGATGGGTATATGACGGATG	.....	.....	.....	507
93ZR001.3	.....	.....	.....	.....	.....GTCACAGATTGGATG	.....	431
GP120AA	TAAGAGGAGG	.....	AATAAGGCTAGCGATAGT	.....	.....CAGACACAGATG	.....	380
CONSENSUS-E	.....	.....	.....	.....	.....?????????????????	.....	455
93TH966.8	.....	.....	.....	.....	.....	.....	452
93TH975.15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	440
92TH011.5	.....	.....	.....	.....	.....	.....	380
92TH006.5	.....	.....	.....	.....	.....	.....	449
TN235	.....	.....	.....	.....	.....	.....	465
TN239	.....	.....	.....	.....	.....	.....	456
TN241	.....	.....	.....	.....	.....	.....	337
TN242	.....	.....	.....	.....	.....	.....	447
TN243	.....	.....	.....	.....	.....	.....	471
TN244	.....	.....	.....	.....	.....	.....	352
92TH022.4	.....	.....	.....	.....	.....	.....	452
1643E	.....	.....	.....	.....	.....	.....	129
93TH976.17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	467
CM240X	.....	.....	.....	.....	.....GCTACAAAAGAAATG	.....	456
CARELO	.....	.....	.....	.....	.....GAAACAGCAGAAATG	.....	468
CAR4017	.....	.....	.....	.....	.....GAAATATCAGAAATG	.....	471
CAR4071	.....	.....	.....	.....	.....AATACCCTAAAAATG	.....	459
CARMBA	.....	.....	.....	.....	.....	.....	447

## HIV1 ENV

CONSENSUS-F		??acCcTGaaGAA	433
BRA7944		---T-----	360
BZ163A		GA-----	435
BZ126A		ACA-----	441
RJI03		-----	84
93BR020.17		-G-----	446
93BR029.2		-----	428
CONSENSUS-G	T?????????g?gaac?????aacAAtagcactgTg???	g????caaa	436
LBV217	-AGTAACAAACAGC-G-CTTGGG..-----	AGTAG--T-	471
RU511B	-.....AAG-GA-----	ACAGG-T-T	330
RU570	-.....AAG-A-----	ACAGG-T-T	330
92RU131.9	-.....AAG-GA-----A-----A	-AAGG---G	446
47621	-.....-A---T-----	-AGAA---G-	348
47622	-.....-A---T-----	-AGAA---G-	348
92UG975.10	-.....-AATTA.....GCT--C-CA-GCA-T	-GGAA-CG-	440
CAR4067	-.....AG-G-----AAT-----	TGTGAGG--	447
CONSENSUS-O			415
ANT70			414
MVP5180			441
VAU			450
CONSENSUS-U	?????????????????????		354
CAR4081	.....AACAAACAATAGCACTGTG.		441
Z3			429
GM4			36
CONSENSUS-A	???????.?????????????????ga?	.atg	407
AD_K124A2		---G-----	441
DA_MAL	.....AATAGGACTAAAT.....	GCAGAA..TTGAAA--	462
AD_UG266A2	.....AATGGCACTATT.....		441
CA_ZAM184			423
GX_VI525A2	TAGT..ACTGTAACC.....AACAAATAGCACTGTG.....	AGTGGC-AA	489
BF_RJI01.5	.....AATAGTACTGTTAACACCGCTGTTAGTAGTGGG.....	GGAAAG---	145
EA_CAR4039	.....AATGAAACTGTG.....	.GAA-----	447
FB_93BR019.10	.....AACAGCACCC.....	.CTG-A-	428
CD_D12ACD	.....TGGAAAGGGAAATGGCACTAATGCCACT.....	.ACTGG-	429
DA_TZ016			426
CONSENSUS-CPZ	??A?????A???C?????C?CC?????????????	?????????	202
CPZGAB	....-ACAG-CAT-TTCTC-G--T.....		447
CPZANT	.....ACA-CAACA-GTA-AGTAA-A--AAAGACAACAACA.....	CCAATAGTA	441

## HIV1 ENV

		tev or tnv in LAI/IIIb -> 5' sj \/
CONSENSUS-A	?aa.....g?agaa.....ataAaaAAcTGctCTTtCAATAtgACcaCAGAa?TAAGag	453
U455	AGG.....-A-----G-----T-----C-----	490
SF1703	G-----G-----G-----A-----C----G-	499
IBNG	A-T.....-GG-----A-----A-----G-----	487
Z321	A-----A-----T--T---A-----T-----	487
92RW020.5	.....-----G-G-----A-----T---AG-	456
92UG031.7	AT-----G-----A-----C----G-	483
92UG037.8	AG-----A-----T-----G-----	492
92RW009.14	A-----G-----T-----G-----	483
TZ017	.....-G-----G-G-----A-----A-----	475
D687	A-----GG-----GT-----	161
UG275A	A-----G-----T-----G-----	490
UG273A	G-----AG-----C----G-	514
VII191A	AT-----AT-----C-C-----A-A-----T-----	481
DJ264A	C-----GG-----G-----T-----C-----	481
DJ263A	C-----AG-----C-----	496
DJ258A	CG-----AG-----C-----	490
KENYA	CGG.....-GGAG-----G-----A-----A-----GC-----G-	484
CARGAN	AT-----G-----C-----GC-----	502
CARSAS	.....AAT-----C-G-----A-----A-C-----AT-	460
CAR4054	C-----T-----G-----A-----A-----A-----AT-	472
CAR286A	C-----T-----G-----A-----T-----A-----A	532
CAR4023	C-----T-G-----T-----A-----	523
CAR423A	A-----A-----T-----C-----A-----T--	523
CONSENSUS-B	gagaaaa??ggAAa????????????????ataaaaaactgctttcaatatcaccacaaggataagag	469
SF2	ATA-----	493
SF2B13	ATA-----T-----	490
LAI	-----G-----G-----	514
HXB2R	-----G-----G-----	499
NY5CG	----G-----G-----T-----G-----T-----A	484
NL43	-----G-----G-----	499
JRCSF	-----G-----A-----	490
JRFL	-----G-----	490
ALA1	-----G-----	493
JH32	-----G-----	508
BALL	-G-GG-----G-----T-----A-----	508
YU2	-----	493
BRVA	--GG-----G-----	493
91US005.11	--A-G-----G-----	522
91US006.10	--G-G-----T-G-----T-----T-----A	498
BZ167A	--C-GG-----G-----A-----A	523
MA208	--G-----A-----T-----A-----A--	529
ETR	A-----T-----G-----A-----	508
BA1A	-G-GG-----G-----A-----A-----	508
MN	A--GG-----G-----	514
QZ4589	--A-T-----T-----G-----A	484
CAM1	A-A.....-----G-----A	502
ADA	.....-----	487
JFL	--G-----C-----A-A	490
SIMI84	-----G-----T-----A-A	493
BCSG3C	--A-G-----G-----G-----T--G---	502
D31	.....-----	499
SF162	--C-G-----T-----GG-----A	493
OYI	-----T-----C-----	514
SF33	-----A-----G-----	496
CDC42	-GT-----G-G-----T-----GG-----A-----	517
HAN	-----C-----GG-----A-----	484

	tev or tnv in LAI/IIIb ->	5' sj \/	
CONSENSUS-B	gagaaa???ggaGaa????????????????ataaaaaactgctttcaatataccacaaggataagag	GC-----	469
ENVVA	-----.	-----	508
RF	-----C-----.	C-AG-T-----T-G-----	499
WMJ22	-GAGG-----.	G-----G-----	484
TB132	.....A-T-----.	G-----G-----T-----G-	457
92BR020.4	--C-G-----G.	-----C-----TG-----A--	495
92TH014.12	--GG-----.	-----G-----A-A	477
92US711.14	ATA-----C.	-----	489
91US712.4	--C-GG-----.	T-----G-----G-----	507
92US714.1	-----.	-----GA-G-----	480
92US715.6	--G-G-----.	T-----	507
92US716.6	--AGGG-----.	T-----	483
92HT593.1	--A-G-----.	-----A-----	555
92HT594.10	--C-----G--.	-----G-----A--	489
92HT596.4	--GG-----G--.	C-----T-----G-----TG-----A--	489
92HT599.24	-----C.	A-----AT-----A--	486
91HT651.11	--T-----.	C-----G-----T-----A--	483
RJS	--G-----.	-----T-----A	502
GUN	--C-G-----.	C-----A-A---A	405
SC	--GG-----.	G-C-----A	508
92BR014.1	-----G-----.	-----G-----A	510
92TH026.6	--GG-----.	-----CA-----	477
92BR021.6	AT-----A-----.	T-----A-----	511
ACH9	ATC-----.	-----G-G-----	364
ACP1	-----.	T-----A-----A	355
JM	--A-GTAT-C-----.	-----AT-GG-----	424
WM	--A-----.	T-----A-----	397
P896	-----.	T-----A-----	502
BWB11A	--A-T-----.	-----A-----	115
49L1R	-----.	-----G-----	145
VE1	-----T-----.	G-C-----T-----	379
VE2	--G-----.	-----GTG-----	409
VE3	C-TCC...CC-----.	-----T-----	321
VE4	-CT-G-----A-----.	G-----A-----A	451
VE5	-----.	AGC-----A-----G-----	418
VE6	-----.	T-----GGT-----GAAT-----T-----	424
VE7	--G-----.	-----G-----TG-----A	418
VE8	ACA....A-----.	G-GG-----T-----C-G-G-----	409
68A	--A-----.	-----	502
RJSP3	AT-G-G-----.	C-----T-----T-----GAT-----A-----	191
US1	-----.	-----A-----A-----G-----	508
US2	-----.	T-----GAAG-----	496
US3	--G-----G-----.	G-----A-----A-----A-----	493
US4	CCAG-----.	-----TG-----	553
8020	-----ACGATACAGAGTGAC-----G-----.	-----T-----	457
17305	-----A-----.	-----GA-C-----	421
24612	-GAGG-----.	-----A-----A-----	418
26807	A-A-----.	G-----A-----	451
27290	-----G-----.	G-----T-----G-----A-----	430
27481	-----.	G-----G-----G-----A-----	418
4995	-GC-T-----.	G-----T-----A-T-----	412
CM237X	--GG-----.	-----A-----	377
91HT652.11	--G-----.	G-----T-----AT-----	480
3202A12	AG-----.	T-----	502
3202A21	-----.	G-----A-----A-----G-A-----	493
MANC	AGA....G-----.	-----T-----A-----	511
WEAU160	--G-G-----.	G-----G-----CT-----A-----	511
SALL	--GG-----.	G-----T-----A-----A-----	508
CB1	--C-----A-----.	T-----A-----	130
CB2	-----G-----.	C-----G-----TG-----	127
CB3	-C-----.	-----G-----	130
CB4	-----.	-----CT-----C-G-----	157
CB5	--GG-----.	-----A-----	133
CB6	--G-----.	-----G-----	130
CB7	-----.	C-----G-TG-----	187
CB8	A--G-----A-----.	-----	130
CB9	-----G-----.	C-----A-----	130

## HIV1 ENV

		tev or tnv in LAI/IIb -> 5' sj \/
CONSENSUS-C	? ? ? ? ? . . . gaaGAa . . . . .	aTaAaAAATTGctCTTTcaAtgcaACcACaGaA?TAagaG
93MW959.18	. . . . . AGT--C . . . . .	-----G-----T-----T-----
93MW960.3	. . . . . A---G . . . . .	-----G-----T-----A-----
93MW965.26	TAT . . . . . G-----	-----ATG-----T-----
92BR025.9	GGG . . . . . G-----	-----T-----ATG-----G-----
UG268A2	GAACAG . . . . . G-----	-----T-----A-----
SM145A	. . . . .	-----T-----T-----
D757	. . . . .	-----A-----T-----C-----
D747	. . . . .	-----A-----T-----G-----C-----
D760	. . . . .	-----C-----A-----
D1044	. . . . .	-----G-----A-----A-----
NOF	. . . . . G-----	-----T-----A-----A-----G-----
SH750	GAT . . . . . G-----	-----G-----A-----T-----C-----A-----
DLU	. . . . . T-----	-----G-----T-----G-----
D1024	. . . . .	-----T-----A-----
D744	. . . . .	-----G-----G-----A-----
D766	. . . . . A-G--G . . . . .	-----T-----
D808	. . . . . A-G--	-----G-----
D868	. . . . .	-----A-----
ZAM18A	. . . . . -GG-----	-----G-----C-----A-----
ZAM20A	. . . . .	-----G-----G-----T-----A-----AT-----
DJ259A	. . . . .	-----G-----T-----T-----C-----
DJ373A	. . . . . A---C . . . . .	-----G-----G-----CAT-----C-----
SE364A	. . . . . -G-----	-----AT-----C-----
U0GOM	. . . . . -G-----	-----T-----
BOOYD	GAT . . . . . G-----	-----A-----T-----A-----
CONSENSUS-D	ga????? . . . a?agga . . . . .	AtGaaaaAcTgcTcTtTCaatataaccacagaagtaagaG
ELI	. . . . . -A-----	-----G-----T-----C-----A-----
Z2Z6	. . . . . -T-A-----	-----T-----T-----
Z6	. . . . . -T-A-----	-----T-----
NDK	. . . . . GA-AA-----	-----G-----G-----G-----
92UG021.16	-GC . . . . . -T-----	-----G-----A-----T-----
92UG046.8	. . . . .	-----G-----A-----T-----
92UG024.2	--C . . . . . -T-----	-----G-----
92UG038.1	--GAAA . . . GGG-A-----	-----G-----AT-----
43425	. . . . . AC . . . . .	-----T-----CA-----G-----G-----T-----T-----G-----
JY1	--GAAA . . . GG-A-----	-----TGA-----C-----
43424E	. . . . . -CT-----	-----G-----A-----G-----C-A-----
TZ005	--C . . . . . -T-----	-----
TZ012	--C . . . . . -T-----	-----A-----
TZ023	--C . . . . . -T-----	-----T-----C-----
TZ030	--C . . . . . -T-----	-----
TZ053	--A . . . . . -TG-----	-----T-----
TZ064	--C . . . . . -T-----	-----G-----T-----T-----T-----A-----
TZ112	--C . . . . . -C-----	-----G-----T-----G-----
UG269A	-GC . . . . . CT-A-----	-----G-----T-----A-----G-----A-----
UG274A2	--C . . . . . -C-AC-----	-----G-----GT-----
SE365A2	. . . . . GG-A-----	-----C-----T-----A-----
CAR4020	--A . . . . . -A-A-----	-----C-----G-----T-----A-----
93ZR001.3	--G . . . . . -A-A-----	-----G-----G-----T-----
GP120AA	--AAAA . . . GG-A-----	-----T-----A-----
CONSENSUS-E	? ? ? . . . . gAtgaA . . . . .	. GTAAgaAACTGTtCTTTTaATaTgACCACAGaAcTaagAG
93TH966.8	. . . . .	-----A-----
93TH975.15	. . . . .	-----A-----T-----
92TH011.5	. . . . . G-----	-----A-----T-----A-----
92TH006.5	. . . . .	-----
TN235	. . . . .	-----
TN239	. . . . .	-----
TN241	. . . . .	-----A-----
TN242	. . . . .	-----
TN243	. . . . .	-----
TN244	. . . . .	-----
92TH022.4	. . . . .	-----A-----A-----
1643E	. . . . .	-----A-----
93TH976.17	. . . . .	-----C-----
CM240X	CARELO GAA . . . A--AC-----	-----A-----C-----GG-----
CARELO	GAA . . . A-----	-----G-----
CAR4017	GAA . . . A-A-----	-----A-----
CAR4071	CAA . . . A-A-----	-----C-----A-----
CARMBA	GAA . . . A-----	-----A-----

		tev or tnv in LAI/IIb ->	
		5' sj \/	
CONSENSUS-F	GagCCA...gGGGcA.....	ATACAAAAActGTTCTTCAAtatgaCCAcagaAgtaagAg	485
BRA7944	-----A-----	-----T-----	412
BZ163A	-GA-----	-----G-----TG-----.	486
BZ126A	--A-----	-----T-----.	492
RJ103	-----	-----G-----AG-AGT-A--	136
93BR020.17	--T----T-----	-----CA-----A-----	498
93BR029.2	-----	-----	480
CONSENSUS-G	???....GaagaA.....	ATgAAAAACTGCTCTTCAAtaTAACcACAGAAaTAAGAg	482
LBV217	.....-----	-----G-----	517
RU511B	GAA.....	-----T-----G-----	379
RU570	AAT.....-G-----	-----A-----T-----T-----	379
92RU131.9	.....-C-G-----	-----G-----T-----	492
47621	.....-----	-----A-----	394
47622	.....-----	-----	394
92UG975.10	.....-----A-----	-----GG-----C-----A-----	486
CAR4067	.....-----A-----	-----	493
CONSENSUS-O	.....AAtGAg???????	aTGAAAaAgTGTga?TTTAATGTAACtACaGT?cTCaAG	459
ANT70	.....AACCTT.....	-----G-----C-----T-----TA-----	466
MVP5180	.....-----	-----G-----T-----AGT-----C-----C-----	487
VAU	.....-A-----	-----G-----C-----C-----G-----	496
CONSENSUS-U	?????????g???????	AT?AaAAAtTGcTCtTTCAAtaTAaCcACAgaa?t?AgAG	392
CAR4081	GATAATAA-AAGAA.....	-----A-----A-----A-A-----	496
Z3	.....-CTACC.....	-----C-C-----C-----GG-----C-----C-G-A--	475
GM4	.....-----	-----G-----C-----T-----	70
CONSENSUS-A	?aa.....g?agaa.....	ataAaaAAcTGctCTTtCAATAtgACcaCAGAA?TAAgag	453
AD_K124A2	G-GGAC...AT-G-----	-----G-----A-----G-----	493
DA_MAL	G--ATT...-G-----	-----G-----A-----C-----T-----GG-----T-----	514
AD_UG266A2	.....-GG--C-----	-----G-----G-----A-----A-----A-----	487
CA_ZAM184	.....-A-----	-----A-----GG-----CT-----C-----A-----	469
GX_VI525A2	.....-A-----	-----G-----C-----G-----A-----C-----	535
BF_RJI01.5	G-G.....-G-----	-----T-----A-----C-----AGCA-----	194
EA_CAR4039	G----AAT-----	-----G-----GT-----T-----T-----A-----A-C-----	496
FB_93BR019.10	G--GAGCCA-A-C-	-----C-----T-----	483
CD_DI2ACD	G--AATGACAT--G-----	-----G-----G-----A-----G-----	484
DA_TZ016	.....-----	-----G-----A-----G-----	466
CONSENSUS-CPZ	?????????????????	?T?AA?A?TGT??TTTAAT??GA?ACAG?ATT?A?AG	227
CPZGAB	.....CTCGAA.....	-----A-GA--A-C---TCA-----GT-----CA-----A-----A-G-----	493
CPZANT	GATGGCATGAAG.....	-----C-AC--G-A---AAC-----CA-----GC-----G-----T-----A-----	493

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	ATAgaaaacagaaaagtatattCaCTtTTtTAtAgacTtGATgTaGTaCaAAttaat?????????????	509
U455	-----G-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----AAA.....	543
SF1703	-----A-----GA-GC-G-----A-----C-----GGGGGA.....	558
IBNG	-----C-----AG-----A-----G-----A-----C-----GAAAAG.....	540
Z321	-----C-----G-----AG-----A-----C-----GGGGGA.....	546
92RW020.5	-----C-----G-----AG-----A-----C-----GAAAAG.....	518
92UG031.7	-----A-----A-----C-----G-----C.....	539
92UG037.8	-----T-G-----G-----A-----G-----A-----AGC.....	548
92RW009.14	-----G-----G-----G-----A-----AGC.....	542
TZ017	-----G-----A-----C-----C-----G-----C-A-A-----G-----A.....	528
D687	-----.	214
UG275A	-----C-----A-----C-----C-----G-----C.....	543
UG273A	-----C-----G-----G-----A-----A.....	570
VII91A	-----GT-----A-----C-----GGAATT.....	543
DJ264A	-----C-----G-C-G-----.	534
DJ263A	-----G-C-G-----.	549
DJ258A	-----C-----A-----G-----C-----G-----G-GAAAGT.....	552
KENYA	-----G-----G-----C-----GAAAT.....	546
CARGAN	-----A-----A-----G-----C-----A-----AG-----GAGAAT.....	564
CARSAS	-----A-G-----A-----G-----C-----A-----C-C-----AAAATTAATGATGC.....	530
CAR4054	-----G-----GA-----A-C-CG-G-----C-----AGTAATACTGATGC.....	537
CAR286A	-----G-----GA-----A-----CG-G-----C-----C-----CA-----ATGATGAT.....	597
CAR4023	-----G-----GA-----A-----CG-----C-----A-----C-----ATAATAAT.....	588
CAR423A	-----GGA-----C-----A-----CG-G-----C-----A-----C-----ATAAT.....	585
CONSENSUS-B	ataagggtgcagaaaagaatatgCacttttataaaacttgATgTagtaccaatagataat??t????????	529
SF2	-----A-T-----A-----CG-----C-----.	549
SF2B13	-----A-T-----A-----CG-----C-----.	546
LAI	G-----T-----A-----A-----.	570
HXB2R	G-----T-----A-----A-----.	555
NY5CG	-----A-A-----A-----G-----A-----GGA-----.	546
NL43	-----T-C-----A-----.	555
JRCSF	-----T-----G-----AAG.....	552
JRFL	-----G-----T-----.	549
ALA1	-----A-----C-----G-----C-----.	552
JH32	-----C-----A-----A-----A-----.	564
BAL1	G-----A-----C-----.	564
YU2	-----A-----C-----.	549
BRVA	-----A-----A-----GA-AAAAC.....	561
91US005.11	-----A-----GGGA.....	584
91US006.10	-----A-A-----GC-----A-A-----G-----GA-AGT.....	563
BZ167A	-----A-----G-AC-----A-----AAA-AAG.....	588
MA208	-----G-A-----G-C-----AC-----A-----G-----.	585
ETR	-----.	570
BA1A	G-----G-----A-----.	564
MN	-----A-----C-----A-----T-----.	570
QZ4589	-----A-----A-----A-----A-----G-----GA-.	546
CAM1	-----G-----.	564
ADA	-----A-----C-----G-----GA-----.	549
JFL	-----A-----G-----GGA-----.	552
SIMI84	-----A-----C-----A-G-----GG-----GA-----.	555
BCSG3C	-----AA-----C-----C-----GA-AAG.....	567
D31	-----AC-----.	561
SF162	-----A-----.	555
OYI	-----A-----G-C-----T-----GAA-----.	576
SF33	-----A-----G-C-----TA-----G-----GA-----.	558
CDC42	-----G-----T-G-----A-----G-----AA-AAA.....	582
HAN	-----A-----C-----AC-----.	543

CONSENSUS-B	ataagggtgcagaaaatgCacttttataaaacttgATgTagtaccaatagataat??t?????????	529
ENVVA	-----G-G---C-----GA-AGT.....	573
RF	----AC----A-----G-----G-GGG-.....	561
WMJ22	-----T-----A-GGG-GA-.....	546
TB132	----T-----C-----A-----A-----GA-.....	519
92BR020.4	----A-A-G-----T-C-C-----T-----A-----G-.....	551
92TH014.12	C-----AA-A...C-----GC-----A-----G-.....	533
92US711.14	-----A-A-----GC-----A-----A-----G-.....	545
91US712.4	-----A-----G-----A-----A-----G-.....	563
92US714.1	-----A-----T-----G-----GA-AATACTAG	550
92US715.6	-----A-----T-----A-.....	563
92US716.6	-----A-----G-----A-----C-.....	539
92HT593.1	-----A-----AC-----AG-----A-----G-.....	611
92HT594.10	-----ACAAC-----GC-----G-G-.....	545
92HT596.4	-----ACAAC-----GC-----G-G-.....	545
92HT599.24	G-----A-A-----C-----T-----.	542
91HT651.11	-----AC-----C-C-----GG-----C-G-.....	539
RJS	-----T-----G-----.	558
GUN	-----C-----C-A-G-----A-----.	461
SC	G-----A-----C-----.	564
92BR014.1	-----A-----G-C-----.	566
92TH026.6	C-----C-----TC-----.	530
92BR021.6	-----A-----A-T-----A-G-----.	567
ACH9	G-----A-----C-----A-----.	420
ACP1	-----A-----A-C-----G-G-----C-----.	411
JM	GA-----A-A-----A-C-----G-----AG-AAT.	489
WM	-----AAG-----AC-----A-----.	453
P896	-----AA-----A-G-----A-AC-.....	564
BWB11A	-----A-----A-----G-----G-----GG-AG-.....	177
49L1R	-----A-----C-----C-A-C-----C-----GC-AATAATAG	215
VE1	-----G-----G-----GG-AA-AAG-.....	444
VE2	-G-----A-----T-----C-----G-----GAA-AGTAGTAC	476
VE3	-C-----A-G-----T-----C-A-----GC-AT-----T-----T-----C-----AGA-AGTACT..	389
VE4	-----T-A-----G-----A-C-----CC-GGACAATACCAG	521
VE5	-----C-----AC-----G-----T-----T-----AG-AGT-.....	483
VE6	-----A-----G-----T-----G-----GAC-.....	486
VE7	-----A-----GC-----A-A-----G-GAGAAT-.....	483
VE8	-----AC-----T-----A-----GGG-AAGAATACTAG	479
68A	-----G-----G-A-----C-A-----.	558
RJSP3	-----GA-----C-----A-G-----A-----G-.....	250
US1	-----AG-A-G-----G-----GA-.....	570
US2	-----A-A-----C-----A-GA-.....	558
US3	-----C-----A-----GA-.....	555
US4	-----A-----T-T-C-C-----GA-.....	615
8020	-----GA-----A-A-C-----GC-----A-----A-T-----.	510
17305	-----A-----A-----A-----A-GA-AGG-.....	486
24612	-----T-T-----G-----G-----G-GA-.....	480
26807	-----C-C-----AC-.....	513
27290	-----GAT-----A-----GG-GA-.....	492
27481	-----A-----AA-----AAAATC-.....	483
4995	-----TAT-----T-----AA-ACTACC-.....	480
CM237X	C-----C-----G-----.	433
91HT652.11	-----T-----A-----A-----GG-----.	539
3202A12	-----T-----A-----C-----G-GG-.....	564
3202A21	-----C-----T-----AA-.....	555
MANC	-----T-----A-----GA-GAAG-.....	573
WEAU160	-----AGAA-----CT-----A-G-----C-GA-.....	573
SAL1	-----A-----G-----A-----GA-GA-.....	570
CB1	-----A-----G-----C-A-A-T-----GA-AATACA-.	198
CB2	-----T-----C-C-G-----GG-AA-.....	189
CB3	-----T-----A-----C-----G-GA-.....	192
CB4	-----C-----G-----AC-AGC-.....	222
CB5	-----A-----G-----GGA-AATACCAG	203
CB6	-C-----A-----C-----GA-.....	192
CB7	-----G-----T-C-C-GG-A-----G-GAA-GATACT..	255
CB8	-----T-----C-----A-----GA-AATACCAG	200
CB9	-----A-----T-A-C-----T-----GA-.....	192

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	ATaaagaaaacagaaaagtgtatGCACttTTtTATAgactTGATaTAGTAccacTtaat?????????????	514
93MW959.18	-----G-----A-----.	542
93MW960.3	---A-G-T-----.	518
93MW965.26	-----A-C---A-----A-----T-----GAG-----.	545
92BR025.9	-----G-G-G-AC-----.	533
UG268A2	-----C-C-C-----A-----G-----T-----G-AGGGAATAGT-----.	579
SM145A	-----.	558
D757	--C-----TGC-----A-----G-----G-GGT-----.	211
D747	-----AC-A-----A-----G-----.	340
D760	-----G-C-G-----.	369
D1044	-----G-G-C-----A-----G-----.	175
NOF	-----A-C-G-----.	179
SH750	-----CAC-A-----GGT-----.	207
DLU	-----A-C-A-C-----.	189
D1024	-----G-G-C-----G-AG-----.	528
D744	-----G-G-C-----N-----G-----.	198
D766	-----G-G-G-----C-----CC-----T-----.	177
D808	-----G-G-C-----T-----.	228
D868	-----G-G-C-----G-----.	210
ZAM18A	-----A-G-----A-----GAGAAT-----.	537
ZAM20A	-----C-AGT-G-C-----GG-----GATGAGAATAGT-----.	573
DJ259A	-----G-CA-----C-----GAG-----.	531
DJ373A	-----AAA-----A-----GGG-----.	546
SE364A	-----G-AG-T-AA-----G-GGGAGTAAA-----.	549
U0GOM	-----T-A-C-----G-----GAG-----.	183
BOOYD	-----C-----A-C-G-----.	195
CONSENSUS-D	ATAagaagaAgcaaggatcacatgCACtTTTTATAaacTtGATgT?GTaCaaATaga?????????????	511
ELI	-----C-----T-----G-----A-A-C-----.	546
Z2Z6	-----CA-A-----G-----A-A-CC-----CAATGAT-----.	552
Z6	-----CA-A-----G-----A-A-C-----CAATGAT-----.	555
NDK	-----G-G-----T-----A-A-G-C-----CAAATA-----.	534
92UG021.16	-----C-T-----G-----G-----GA-TGATGAT-----.	527
92UG046.8	-----A-----G-----G-T-----.	558
92UG024.2	-----T-----A-----G-G-----.	548
92UG038.1	-----C-G-A-A-----GG-----G-----GACT-----.	447
43425	-----A-A-GAT-----G-----A-A-C-----CAGTAGT-----.	447
JY1	-----A-----G-----A-C-----TGATGATAATAGT-----.	576
43424E	-----C-A-A-----A-A-C-----TAATGATAAT-----.	480
TZ005	-----.	519
TZ012	-----AC-----G-----.	534
TZ023	-----G-----G-G-----.	534
TZ030	-----.	519
TZ053	-----G-----.	528
TZ064	-----T-----G-----.	555
TZ112	-----CG-C-AG-----C-----G-----.	528
UG269A	-----G-----A-----GA-TAATAGTGAGAGT-----.	575
UG274A2	-----G-----T-----G-----TGAT-----.	561
SE365A2	-----A-GAC-A-T-T-----G-----T-A-C-----GCAATAGTAATAAG-----.	573
CAR4020	-----C-----A-A-C-----GGATGAGGATAATAT-----.	626
93ZR001.3	-----C-G-A-AC-G-----G-----A-----T-----.	536
GP120AA	-----G-A-----G-----G-A-G-----TAATGAT-----.	494
CONSENSUS-E	ATAagaAgCAGaAGGTCCaTGCACtTTTTATAagctTGATaTAGTAcaAaTtgaag?taa?????????	561
93TH966.8	-----C-----A-A-----.	560
93TH975.15	-----C-----G-GG-----.	545
92TH011.5	-----G-----C-----C-G-A-----.	485
92TH006.5	-----G-----.	548
TN235	-----C-----A-----.	570
TN239	-----C-----A-----G-T-----.	564
TN241	-----G-----GA-TAAG-T-----.	445
TN242	-----A-----T-----.	555
TN243	-----G-A-G-----.	579
TN244	-----C-----A-T-----.	460
92TH022.4	-----AC-----G-----GC-T-----.	554
1643E	-----A-----.	228
93TH976.17	-----T-----A-TAG-GTGAG-----.	578
CM240X	-----C-----A-GAAG-----.	567
CARELO	-----C-T-----TC-----T-----C-----T-GC-TATTGATGG-----.	587
CAR4017	-----GA-----T-----AC-----TC-----T-----.	576
CAR4071	-----G-G-T-----C-----G-TC-----C-----C-----GAGA-TAGTGGGA-----.	578
CARMBA	-----TC-----A-----GTATC-----C-----TC-----GA-T-CA-----.	555

CONSENSUS-F	ATAAGCAGC?GAAAGTACATgCACTtTTtATAgaCTTGATATAGTAccAAT?agc?????????....	539
BRA7944	-----T-----T-----C-T.....	468
BZ163A	-----A-----G-----T-AATGGAAGA....	550
BZ126A	-----A-----A-----T-AATAGCAGT....	557
RJI03	-----A-----C-----T-AGT.....	195
93BR020.17	-----T-----A-----T-C.....	551
93BR029.2	-----T-----G-----C.....	533
CONSENSUS-G	ATAAgaaaaAGa?AGAATACGCgCTTTCTATAaActTGATGTagTacCAATTaaT?????????....	537
LBV217	-----GT-----A-----T-----G-----G-----GGTAATGAA....	582
RU511B	-----C-----.....	438
RU570	-----C-----.....	438
92RU131.9	-----C-----.....	545
47621	-----G-GG-GA-----A-----G-----.....	447
47622	-----G-----A-----A-----G-----.....	447
92UG975.10	---AC-G---GA-----G-AC-----A-----.....	542
CAR4067	-----G-----C-----G-----GAGGATCAG....	558
CONSENSUS-O	ACAAAaAGGAGaAAAAACAGGCTCTATTCTATGTatCAGATTGattaAg?TtAAAtGacaCAa???????	521
ANT70	-----.....	536
MVP5180	-----C-----.....	557
VAU	-----C-----GA-----G-----A-----C-C-----TCA....	561
CONSENSUS-U	atAAGAaGaAGAcAG?atAtgCgCTTTcTATAaActaGATGTAGtaCCAAATTaaTg??a?????....	449
CAR4081	-----C-----C-----G-----.....	561
Z3	-----C-G-----T-C-A-A-----T-----G-----G-----C-----TG-CA....	537
GM4	GC-----A--AG-----GC-----C-----.....	123
CONSENSUS-A	ATAagaaaacagaaaagtatattCaCTtTTtTAtAgacTtGATgTaGTaCaAAAtaat???????????????	509
AD_K124A2	---G---GA---C-----G-----A-----A-----G---GAAAATCAGGAT..	561
DA_MAL	---A-GG...C---A---G-AC-----AC-----C-----AG-----GATAGTGAT....	576
AD_UG266A2	-----GA---C-----G-----A-----G-----C-----AG-----GAT.....	546
CA_ZAM184	-----CG-T---G---C-----G-----A-----G-----CCA.....	528
GX_VI525A2	-----C-GA---GC---A---CG-G-----C-----A-----C-----G-----ATAATAGA....	600
BF_RJI01.5	-----GTG---G---A-----G-----A-----C-----AGGCAAT.....	253
EA_CAR4039	-----CGA---G-G-CC---G---C-----AG-A---C-----C-----A-----GGAA....	555
FB_93BR019.10	-----G-G-----C-G-----C-----CA-----C-----C.....	536
CD_DI2ACD	-----GA---C---A-C---G-----A-----G-----GG-----GATAATAATAGTAC	554
DA_TZ016	-----GA---C---C-G-----A-----G-----A.....	519
CONSENSUS-CPZ	ATAAGAA??AA?A??A??T??A??C??TATTTTAT??G??GAT?T??T?AA??????G???.	257
CPZGAB	-----GA---C-GG-CT-TT-AC-----GTG-AG---G-GG-A---CCTAGG-.....	549
CPZANT	-----AC---A-AA-GA-AG-CA-----AAA-GA---C-TA-G---GTGTCA-GAC.....	552

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	??????aata?ta?t?????????????	aata?ta?t????????????a?	524
U455	.....AA-C-GAT.....	..C-A--G.....	564
SF1703	.....A-GG.....	..AC-A.....ATAAGGACTC-G	588
IBNG	.....GAA-A.....	..GG--G.....C-G	561
Z321	.....	..G--G...AATGGTGATAGTAGTA-A	573
92RW020.5	.....	..GAA-CA.....GACA-G	533
92UG031.7	.....G-A-G--A.....	..G-G-GA.....AATTCAGTG-G	569
92UG037.8	.....GG--A.....	..C-G--G.....AATCTG	572
92RW009.14	.....G-A.....	..C-G--G.....CATAATC-G	569
TZ017	.....	..G-GG--A.....ACTAGTC-G	546
D687	.....	..C-G--G.....AGT-G-G	229
UG275A	.....GGC-GCAC.....	..C-GGCAG.....	564
UG273A	.....G-G-GAG.....	.....	582
VI191A	.....GGA-C-AGTAAT.....	..A--G.....GCTC-G	573
DJ264A	.....GAA-G-AGC.....	..G-G.....C-A	558
DJ263A	.....GAA-G-AGCAATAGTCAA.....	.....	570
DJ258A	.....C-A-G-CAA.....	.....	564
KENYA	.....GC-G-AACAATGAG.....	.....	564
CARGAN	.....GG-C-AGA.....	..AC-G.....GAGCTG	591
CARSAS	TAGTGGT---T-G-GAGAACAT.....	..G-G-AGTGGCAATTACTAAC-A	585
CAR4054	.....T-G-AAT.....	..GCAAAT.....TATAATG-T	564
CAR286A	.....G-CAGAT.....	..TA--CACATAAT.....	624
CAR4023	.....A-CA.....	..A--CAAATGAT.....TATAATG-T	621
CAR423A	.....A-CAAATGAG.....	.....	600
CONSENSUS-B	????????????????????????????????aata?ta?aaaaaaaaaaaaaa?	.....	535
SF2	.....AATGCTAGTACTACTACC.....	..CTA--CC.....AAC	579
SF2B13	.....AATGCTAGTACTACTACC.....	..CTA--CC.....AAC	576
LAI	.....	..GA--CT.....ACCAGC	585
HXB2R	.....	..GA--CT.....ACCAGC	570
NY5CG	.....	..CA-GC.....	555
NL43	.....	..CC-GC.....	564
JRCSF	.....	..A--CC.....AAA	564
JRFL	.....	..A--CC.....AGC	561
ALA1	.....	..A--CC.....AGC	564
JH32	.....AATAGTACCAAGGATAATATAAAAAATGAT.....	..G--CC.....AGA	606
BAL1	.....	..A--GT.....AATAATAGA	582
YU2	.....	..GC--GC.....	558
BRVA	.....	..C.....AGA	570
91US005.11	.....	..CC-GC.....	593
91US006.10	.....AATACTACT.....	GATA GT--C--CC.....	587
BZ167A	.....	..C--CT.....AGA	600
MA208	.....AATGATAGTACTAGT.....	AATAATAACTAGT--A-TATACT.....AGT	630
ETR	.....	..A--GT.....ACTAATACATGC	591
BA1A	.....AATAATAGT.....	..A--GA.....	582
MN	.....	..GA--GT.....ACCAGC	585
QZ4589	.....AATAATAGG.....	..A-GTAGCAATAACTGTTAGGAAC	585
CAM1	.....	..CA-GT.....	573
ADA	.....	..C--GC.....	558
JFL	.....	..CA-GC.....	561
SIMI84	.....	..CA-GC.....	564
BCSG3C	.....	..G--CC.....AAA	579
D31	.....	..C--GC.....	570
SF162	.....	..CA-GC.....	564
OYI	.....	..G--C-AA.....	585
SF33	.....AATACT.....	..CC-GC.....	573
CDC42	.....AATACTACC.....	..C-AC-CC.....AAA	603
HAN	.....AATAAGACTAGTAATAGGGAT.....	..C--CC.....AGC	576

CONSENSUS-B	????????????????????????????aata?ta?????????????????????	535
ENVVA	.....AAA-----T--CC.....AGC	588
RF	.....AATATTAGCCCTAAG.....AATAATACTAGC-----A--CT.....AGCTATGGTAAC	609
WMJ22	.....AAT.....-----C-G--GT.....AGA	561
TB132	.....-----C--GC.....	528
92BR020.4	.....-----GA--AT.....ACTAGC	566
92TH014.12	.....GAT----CC-GC.....	545
92US711.14	.....GGGGAT----C--GC.....	560
91US712.4	.....-----C-GC.....	572
92US714.1	CAAGAATAAGAATAGCTAT.....G--A--CT.....AGCTCTAATTATACTAGC	596
92US715.6	.....GA--CT.....ACTAGC	578
92US716.6	.....GA--AT.....AATAGC	554
92HT593.1	.....G--CAG-AT.....AAGACGAATAATACTCTC	638
92HT594.10	.....GG--AC-AT.....AGTAGTAAAAATGGTAGC	572
92HT596.4	.....AGT--A-A--AT.....AGTAGTAAAAATGGTAAC	575
92HT599.24	.....AAT--C-GGT.....AGTAGTAATAGTAGTAGA	572
91HT651.11	.....GAA---A-GAT.....AATAGTAGC	560
RJS	.....AATGAT----CA-GC.....	573
GUN	.....G-CA-GC.....	470
SC	.....CG-GC.....	573
92BR014.1	.....-AG-CA.....AGG	575
92TH026.6	.....A--CC.....ATCAGC	545
92BR021.6	.....GA--AT.....ACAAGC	582
ACH9	.....AATAGTACT.....AGCAAT--TA--CT.....AGC	447
ACP1	.....GATGAT----CC-GC.....	426
JM	.....AGTAAT--GA--GT.....	510
WM	.....AATGATAAAGAT.....C--GC.....	474
P896	.....-----A-CT.....AAG	576
BWB11A	.....-----CC-GC.....	186
49L1R	CCAGAAGAATAATAGCACTAATAGTACTAAA.....TTTG--G-CTA--GGTTGGAT.....	267
VE1	.....AAAACT----CC-GC.....	459
VE2	C.....	480
VE3	.....AATAGCACG.....T---CC-CC.....AAC	411
VE4	C.....	522
VE5	.....AATAGCAAT.....-----TA--GT.....	501
VE6	.....-----G--GT.....	495
VE7	.....AATAATACTAATACCAAGC.....	501
VE8	C.....-----C--GC.....	489
68A	.....	567
RJSP3	.....AATAATACTAATAGTAAA.....	265
US1	.....-----CC-GC.....	579
US2	.....AATGAT----C--GC.....	573
US3	.....-----CA-GC.....	564
US4	.....-----GC--GC.....	624
8020	.....GATAATGATAAG.....G--A--CT.....ACTACA	537
17305	.....AATAGT----A--CT.....AGC	504
24612	.....-----C--GT.....	489
26807	.....-----A--CT.....ACTAATTATACTAGT	537
27290	.....-----C--GT.....	501
27481	.....	486
4995	.....-----C--CC.....AAC	492
CM237X	.....GATAATACC.....	445
91HT652.11	.....GATACT.....	551
3202A12	.....AATGCTACT.....ACCAAA---AA-CT.....ACTAGAAC	597
3202A21	.....AATACTAAT.....ACCAGCT--CC-GC.....	579
MANC	.....-----C--GCTTT.....	585
WEAU160	.....AATACAAGC.....	582
SAL1	.....-----C--GC.....	579
CB1	.....AGTGATAAA---T--CT.....AGA	219
CB2	.....-----G--GC.....	198
CB3	.....AATGAT----A--CCACTACC.....AAA	216
CB4	.....	222
CB5	C.....	204
CB6	.....-----C--GC.....	201
CB7	.....-----G--GCTATAGA.....AGC	273
CB8	C.....-----TATAATAATTATACCAAGC	219
CB9	.....-----C--GC.....	201

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	.....???	aataa?a?t???????	.....	.aac???	agt???????	.....???????????	a?	528
93MW959.18	.....G-G-	GGA-	.....	--AGC--	CTCT	.....	GGAG-A	569
93MW960.3	.....G-G-	TGAGAAT	.....	--AAC--	C	.....		539
93MW965.26	.....-T-G-	.....	.....	--AACTC-	.....	.....	AGTG-A	566
92BR025.9	.....-G-G-	G-AGT	.....	--ACTTC-	.....	.....	GGTG-T	560
UG268A2	.....-C-CT-	.....	.....	.....	.....	.....		585
SM145A	.....-C-CTC-	-AGGAAG	.....	.....	.....	.....		573
D757	.....-G-T	.....	.....	--TCT	---	.....		226
D747	.....-CT-C-GAT	.....	.....	--TCT	---	.....		361
D760	.....-T-A-	.....	.....	--TAGC-CC	.....	.....		387
D1044	.....-G-G-G-AAG	.....	.....	--GACTC	.....	.....	AGTAGGA-T	205
NOF	.....-G-G-GG	.....	.....	.....	.....	.....	A-C	191
SH750	.....-GTTC-AGT	.....	.....	--TTCT	---	.....	G-G	231
DLU	.....-C-G-G-AGT	.....	.....	--AACTC	.....	.....	AGGG-A	216
D1024	.....-G-C-	C	.....	--TAAG	-C	.....	.A-G	546
D744	.....G-GG-A-GAGAGA	.....	.....	--TCT	---	.....	AAGT-T	228
D766	.....-G-G-ACTCT	.....	.....	--TGAT	---	.....	T-T	201
D808	.....-G-G	.....	.....	--TCT	---	.....	GAGT-T	249
D868	.....-G-AGAAG	.....	.....	--AACTC	.....	.....	AGTGAGT-T	240
ZAM18A	.....AAC-CTCT-G-GAG	.....	.....	G-TCT	---	.....	G-G	564
ZAM20A	.....-C-G-C-AATGCC	.....	.....	--TCT-C	.....	.....	AAGCCTACTA-G	609
DJ259A	.....-T-G-GAA	.....	.....	.....	.....	.....		543
DJ373A	.....-GGG-A-GAGGAA	.....	.....	.....	.....	.....		561
SE364A	.....-C-GTTC	.....	.....	--TTCC	---	.....	G-G	570
U0GOM	.....-T-G-ACC	.....	.....	--TCT	---	.....	G-A	204
BOOYD	.....	.....	.....	--TGAT	--CTCTAGT	.....	G-A	213
CONSENSUS-D	???????	aata?ta???????????????	.....	.aata?	tact???????	.....???????????	a???	526
ELI	.....-GA	--GTAGTACC	.....	--G--C	.....	.....	-AT	573
Z2Z6	.....-G-CC	.....	.....	--G--C	.....	.....	-AT	573
Z6	.....-G-CC	.....	.....	--G--C	.....	.....	-AT	576
NDK	.....-GG-CC	.....	.....	--G---	.....	.....	-AT	555
92UG021.16	.....-G-CT	.....	.....	--CC-G	.....	.....		545
92UG046.8	.....G--A--GTACT	.....	.....	--CC-AC	.....	.....		579
92UG024.2	.....AATG--A--ATACT	.....	.....	.....	.....	.....	AATACC-GC	572
92UG038.1	.....-A-GTAATGAT	.....	.....	.....	.....	.....		462
43425	.....	.....	.....	G--A--G-TCC	.....	.....	-AT	462
JY1	.....GCT--CC-GTAATACC	.....	.....	--TA--C	.....	.....	-AT	606
43424E	.....AGTGAT--G-CC	.....	.....	--G-AC	.....	.....	AAGAGTGCC-AT	516
TZ005	.....G--GA-GA	.....	.....	--TA--	.....	.....	AATAACC-GC	546
TZ012	.....	.....	.....	--A-G	.....	.....	ACC-GC	549
TZ023	.....GA--AT	.....	.....	--A-G	.....	.....	ACTAATAACC-TC	561
TZ030	.....G--GA-GA	.....	.....	--TA	.....	.....	AATAACC-GC	546
TZ053	.....GA-GGT	.....	.....	--A-G	.....	.....	ACTAATAACC-GT	555
TZ064	.....G--GA-AA	.....	.....	--TG	.....	.....	AATAACC-GC	582
TZ112	.....	.....	.....	--A--	.....	.....	GATAATAACC-GC	549
UG269A	.....ATT--C-CC-GC	.....	.....	.....	.....	.....		587
UG274A2	.....AAT--G-CT	.....	.....	--G--	.....	.....	-AC	585
SE365A2	.....-GC-CC	.....	.....	--TA--C	.....	.....	-GT	594
CAR4020	TAAAGGT--C-GTGATAATACTAAA	.....	.....	--T	-----	.....	-GA	666
93ZR001.3	.....-A-CC	.....	.....	--CC-A	.....	.....	TATAGC-GT	563
GP120AA	.....	.....	.....	--A-ACGGCC	.....	.....	AATTATAGT-GT	521
CONSENSUS-E	?....???	aatagtagt?a?????????????	.....	.?????????	.....	.....	?????????????	571
93TH966.8	.....	-G-G	.....	.....	.....	.....		572
93TH975.15	.....-C---G-G	.....	.....	.....	.....	.....		557
92TH011.5	.....AAT--CG--	-AGTGAGTATAGTGAG	.....	.....	.....	.....		512
92TH006.5	.....-G-G	.....	.....	.....	.....	.....		560
TN235	.....-AG-C	.....	.....	.....	.....	.....	AGTAGTGAG	588
TN239	.....-G-G	.....	.....	.....	.....	.....		576
TN241	.....-G--A-G-G	.....	.....	.....	.....	.....		457
TN242	.....CAG-----A-TGAG	.....	.....	.....	.....	.....		573
TN243	.....-G-G	.....	.....	.....	.....	.....		591
TN244	.....-CGA---AGTGAG	.....	.....	.....	.....	.....		475
92TH022.4	.....-GAA-A	.....	.....	AGT	.....	.....	AGTGAG	572
1643E	.....-AG--A-	.....	.....	AATAATAAT	.....	.....	GATAGTAATGAG	258
93TH976.17	.....	.....	.....	.....	.....	.....		578
CM240X	.....-G-G	.....	.....	.....	.....	.....		579
CARELO	C.....-A--G-G	.....	.....	.....	.....	.....		600
CAR4017	.....-C-----AGTGAT	.....	.....	.....	.....	.....		591
CAR4071	A...AAT--G----AGT	.....	.....	.....	.....	.....		594
CARMBA	.....-A--C	.....	.....	.....	.....	.....		564

**HIV1 ENV**

CONSENSUS-F	.....????aAtaa?agt?????????	.....?????????	.....?????????	547
BRA7944	.....----C----GGAGAA	.....	.....	483
BZ163A	.....---GGC---GGAGACTAC	.....	.....	568
BZ126A	.....----C----AGAGAA	.....	.....	572
RJI03	.....--C-GTG-A	.....	.....GAA	207
93BR020.17	....AACC-G-TGACAAT	.....	.....AGAACAA	572
93BR029.2	....AGT---G-T---AAT	.....AGTAATGATACT	....AATAGTAGCAGAGAA	575
CONSENSUS-G	.....??aatacgatgat???	.....aat?gtat?	.....?????a?tagtgat	561
LBV217	.....-----	.....	.....-CA-C---	600
RU511B	.....--A-----	.....AA--C-	.....---AC-	462
RU570	.....--A-----	.....A--C-	.....	456
92RU131.9	....AATG--GAA---AGT	.....	.....-A---AC-	569
47621	.....	.....G---G-	.....-G-----	465
47622	.....	.....G---G-	.....G-----	465
92UG975.10	....GAT-----AA	.....-G-A--GC-	....AGTAATTAA-----	578
CAR4067	.....-----	.....	.....AC-	570
CONSENSUS-O	a.....AATgaaACA???????	.....	.....Atg	534
ANT70	-.....--A-G---AACAGCAAA	.....	.....--	558
MVP5180	-.....----G-----	.....	.....-CA	570
VAU	.....-----	.....	.....	573
CONSENSUS-U	.....aataat??t???????	.....?????????	.....???	456
CAR4081	.....----AA-----	.....	.....AGT	573
Z3	.....----TC-AGTATA	.....AGTAGTACC	.....	561
GM4	.....-----	.....	.....	123
CONSENSUS-A	???????aata?ta?t?????????	.....aata?ta?t?????????????a?	.....?????	524
AD_K124A2	.....----GC-G-AGC	.....	.....GGTGAATATAGA	585
DA_MAL	.....-----	.....G--G-	.....	585
AD_UG266A2	....AAT----G-C-	.....---CC-GC	.....	567
CA_ZAM184	....AGT---A--C-ATG	.....	.....	543
GX_VI525A2	.....---GA-G-----	.....	.....	609
BF_RJI01.5	.....----G--C-----	.....	.....AGT	265
EA_CAR4039	.....----G--G-AGTGAG	.....	.....	570
FB_93BR019.10	....AGC---GC-G-AAT	.....	.....GGCAGTAGAG-A	563
CD_DI2ACD	A.....	.....	.....AATACCGAGA	564
DA_TZ016	....G--GA--GA	.....TA-C-	....AATACCGAGC	546
CONSENSUS-CPZ	.....AA????	.....AA?A?AC?	.....??????	264
CPZGAB	.....--TGAG	.....-CA-C--A	.....	564
CPZANT	.....--C	.....-TG-G--T	....AACTGC	570

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	TATAGatTAATAaAtTGTAataccTCAGCcatTAcAcAgGCtTGtCCaAAGgTatCCTTGAGCCaATTC	594
U455	-----C-----A-----C-----G-----	634
SF1703	-----G-----A-----	658
IBNG	-----G-----	631
Z321	-----C-----T-----A-----	643
92RW020.5	-----	603
92UG031.7	-----A-----A-----	639
92UG037.8	-----C-----A-----	642
92RW009.14	-----G-----	639
TZ017	-----	616
D687	-----C-----C-----	299
UG275A	-----T-----A-----	634
UG273A	-----	652
VII91A	-----C-----	643
DJ264A	-----G-----C-----A---A---A-----A-----C-----	628
DJ263A	-----G-----C-----A---A---A-----A-----	640
DJ258A	-----G-----C---C-----A-----A-----	634
KENYA	-----	634
CARGAN	-----C-----	661
CARSAS	-----C-----G-----A-----	655
CAR4054	-----GC-----GT-----A-TGC---A-----C-----	634
CAR286A	-----G-----G-----A-----A-----GA-----	694
CAR4023	----TG-----GTA---AG---A-----A---A-----	691
CAR423A	-----G-----T-G---A-TG---A-----	670
CONSENSUS-B	tataagggtgataagttgttaacacctCagtattAcaCAggCcTgtCCAAaggTatCcTTtgagcCAattc	605
SF2	-----CA-----GA-----A-----	649
SF2B13	-----CA-----GA-----A-----	646
LAI	-----C-----C-----	655
HXB2R	-----A-----C-----	640
NY5CG	-----CA-----A---G-----T-----A-----	625
NL43	-----	634
JRCSF	-----A-----A-----A-----	634
JRFL	-----G-----A-----	631
ALA1	-----TA-----	634
JH32	-----A---A-----A-----	676
BAL1	-----	652
YU2	-----	628
BRVA	-----T-----A-----	640
91US005.11	-----G-----A-T---A-----	663
91US006.10	-----G-----A-----	657
BZ167A	-----A-----A-----	670
MA208	-----G-----	700
ETR	-----G-----C-----	661
BA1A	-----	652
MN	-----T-----A---T-----A-----	655
QZ4589	-----A-----A---T-----	655
CAM1	-----CA-----CA-----A-----	643
ADA	-----A-----T-----AC-----	628
JFL	-----CA-----A-----AC-----A-----	631
SIMI84	-----CA-----A-----A-----A-----	634
BCSG3C	-----	649
D31	-----	640
SF162	-----AA-----A-----A-----	634
OYI	-T-----A---CA-----AC-----A-----	655
SF33	-----CA-----TT-----A-----	643
CDC42	-----A-----	673
HAN	-----T-----CA-----T-GA---T-----A-----	646

CONSENSUS-B	tatagggtgataagttgtAACAGgCcTgtCCAAaggTatCcTTtgagcCAattc	605
ENVVA	-T-----CA-----A-----	658
RF	--CA---CA---TT-	679
WMJ22	--A---A---T-----A-----	631
TB132	-----A-----C-----A-----	598
92BR020.4	--A---C---T---C-----A-----	636
92TH014.12	-----A-----A---T-----A-----	615
92US711.14	--A-G--AA---C-----C---G-----A-----	630
91US712.4	--A-----	642
92US714.1	-----T-----A-----	666
92US715.6	-----T-----C-----C-----A-----A-----	648
92US716.6	-----A-----	624
92HT593.1	--A---A---A---T-----A-----	708
92HT594.10	--TA-A---T---AC-----	642
92HT596.4	--TA---T---AC-----	645
92HT599.24	--TA---T---A---G---A-----A-----	642
91HT651.11	--A---A---T-----	630
RJS	--C-----A-----A-----	643
GUN	--CA---.C-----A-----	539
SC	--C-----A-----C---A-----A-----	643
92BR014.1	--T---CA-----A-----A-----	645
92TH026.6	-----A-----A---T-----A-----	615
92BR021.6	---T---A-----A-----A-----A-----	652
ACH9	-----	517
ACP1	--A---A---A-----	496
JM	--TA---CG-----A-----	580
WM	-----C-----A-----	544
P896	-----A-----C-----	646
BWB11A	-----C-----	256
49L1R	...CC---G-C.....-----GA-----	328
VE1	-----A-----A-----	529
VE2	-T-----	550
VE3	-T-----CA-----A-----	481
VE4	--GC-----A---C-----	592
VE5	.....-GA---T-----C-----	560
VE6	--A---A---A---TT---AC-----	565
VE7	--A-G---C-----A---A-----G-----	571
VE8	--T-----T-----A-----	559
68A	--A-----A-----	637
RJSP3	--T---A-----A---C-----	335
US1	-----G-----A-----	649
US2	-----A-----A-----	643
US3	--CA---A-----A-----A-----	634
US4	--A---A---A---T-----A-----T---A-----	694
8020	-----A-G-----A-----	607
17305	-----A-----T-----	574
24612	-----A-----T---G-----	559
26807	-----A-----T-----	607
27290	-----C-----T-----	571
27481	-----A-----T---G-----	556
4995	-----A-----T-----	562
CM237X	--A---C-----A---T-----	515
91HT652.11	--A---A---T---C-----A-----A-----	621
3202A12	-T---CA---T-----A-----A-----	667
3202A21	-----	649
MANC	...-A-----AC-----	652
WEAU160	--C-----A---AT---AC-----A-----	652
SAL1	--A-----A-----A-----	649
CB1	-----A-----	289
CB2	--A---A---T-----A-----	268
CB3	-----C-----A-----	286
CB4	-----	292
CB5	--T-----A-----T-----	274
CB6	-----A-T-----T-----	271
CB7	--A---A---T-----T-----	343
CB8	-----A-----A-----	289
CB9	-----A-----	271

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	TAtagATTAATAaAtTGtaaTACCTCAgccaTAAcAaGCCTGtCCAAAGGtCactTTtGacCCaATtC	598
93MW959.18	-----C-G-----A-TG-----T-----	639
93MW960.3	-----C-----A-----G-----	609
93MW965.26	-----T-----	636
92BR025.9	-----T-----	630
UG268A2	--C-----G-----G-----	655
SM145A	-----C-----T-----	643
D757	-----T-----C-----	296
D747	-----T-A-----	431
D760	-----T-----	457
D1044	-----C-----	275
NOF	--T---C---C---A---C---T-----	261
SH750	----T-----	301
DLU	-----CG-----C-----T-----	286
D1024	-----T-----	616
D744	-----T-----	298
D766	-----T-----	271
D808	-----T-----	319
D868	-----C-----T-----	310
ZAM18A	-----G-----T-----	634
ZAM20A	--T-----A-----G-----G-----	679
DJ259A	-----C-----T-----G-----	613
DJ373A	--C-----T-----T-----A-----	631
SE364A	-----T-----G-----C-----	640
U0GOM	-----C-----G-----T-----G-----	274
BOOYD	--T---G---C-----T-----G-----	283
CONSENSUS-D	TATAGaTTaaTAaAtTGtaaTaCCTCAgCcTTAcACAggcgTGTCCaAAGgTaaccTTTGAgCCAATTc	596
ELI	-----G-----T-----T-----	643
Z2Z6	-----T-----GT-----	643
Z6	-----T-----GT-----	646
NDK	--G-----G-----A-----T-----A-----T-----A-----	625
92UG021.16	-----G-----A-----A-----T-----A-----T-----	615
92UG046.8	-----T-----	649
92UG024.2	-----A-----	642
92UG038.1	--G-----C---C---A-----T-----A-----	532
43425	--G-----T-----T-----A-----	532
JY1	-----C-----T-----	676
43424E	--G-----T-----T-----A-----	586
TZ005	-----C-----	616
TZ012	-----T-----	619
TZ023	-----	631
TZ030	-----C-----	616
TZ053	-----G-----	625
TZ064	-----C-----A-----A-----T-T-----	652
TZ112	-----	619
UG269A	-----T-----T-----A-----	657
UG274A2	--G-----C-----A-----	655
SE365A2	-----T-----A-----T-----A-----	664
CAR4020	--G-----T-T-----A-----	736
93ZR001.3	--G-----A-----A-----T-T-----	633
GP120AA	-----C-----T-----	591
CONSENSUS-E	TatAggTTAATAaATTGTAAtAcTTCAGTCATTAAGCaGgCTTGTCCaAAGaTaTCCTTGATCCAATTc	641
93TH966.8	-----	642
93TH975.15	-----	627
92TH011.5	-----G-----G-----	582
92TH006.5	--C-----	630
TN235	-----	658
TN239	-----	646
TN241	--G-----C-----	527
TN242	-----G-----	643
TN243	-----	661
TN244	-----C-----G-----	545
92TH022.4	-----	642
1643E	-----	328
93TH976.17	-----	648
CM240X	-----	649
CARELO	TA-----C-----G-G-----	670
CAR4017	--T-----A-----G-----	661
CAR4071	--A-----C-----A---AG-----	664
CARMBA	-----G-G-----	634

CONSENSUS-F	TACAGgCTAATA?ATTGtaATaCCTCaACCaTTACACAGGCTTGTCCAAgGTATCTGGaTCCAATTc	616
BRA7944	-----A-----	553
BZ163A	-----A---C-----	638
BZ126A	-----A---C---CG-----	642
RJI03	-----C-----	277
93BR020.17	-----A---C---G---G-----	642
93BR029.2	-----A-----C-----	645
CONSENSUS-G	TATaggcTAATaAaTTGTAATgtcTCAACCATTAAACAgGCTTGTCCaaAGGTga?TTTtGAcCCAATTc	630
LBV217	-----C-----A-----C-----	670
RU511B	-----G-----A-----A-----	532
RU570	-----A-C-----	526
92RU131.9	-----A-----	639
47621	---GTA---G-----ACA-----A-----	535
47622	---GTA-----ACA-----C-----A-G-----	535
92UG975.10	----T-----TC-----A-----	648
CAR4067	----AT-----C-----G-----	640
CONSENSUS-O	TATA?aTTAAcTAATTGTAACTCCACAAccATCA?GCAGGCCTGTCCaAAGGTAtcTTTGAGCCATTc	602
ANT70	---C-----C---A-----A-A-----	628
MVP5180	---TG-----TT-----A-----G-----AG-----	640
VAU	---G-----T-----G-----	643
CONSENSUS-U	TATAggcTAaTAAATTGTAATACCTCagcCATTaaACAGGCTTGTCCAAAGGTaTCCTTTgAgCCATTc	526
CAR4081	-----	643
Z3	----T-----A-----C-----	631
GM4	----TT-----G-----T-T-----G-----T---C-A--C--C-----	193
CONSENSUS-A	TATAGatTAATaAatTGTAAataaccTCAGCcattAcAcAgGCTTGtCCaAAggTatCCTTTGAGCCaATTc	594
AD_K124A2	-----G-C-----	655
DA_MAL	-----GC-----TA-----A-----T-----	655
AD_UG266A2	-----G-----A-G-----A-----	637
CA_ZAM184	-----C-----G-----CG-----A-----	613
GX_VI525A2	-----GC-----C-----GT-----A-----A-----C-----T-----A-----	679
BF_RJI01.5	-----G-G-----C-----T-----A-----C-----	335
EA_CAR4039	---GTGC---CT-GTA-TACAT---T-----A-----A-----	640
FB_93BR019.10	--C-GC-----A-----A-----T-GG-----T-----	633
CD_DI2ACD	-----G-----A-----	634
DA_TZ016	-----C-----G-----A-----	616
CONSENSUS-CPZ	TAT????TA?????A?TGCAA?AC?ACA?C?AT?ACACAA?C?TGT?AAA?C?C?C?TTTGA?CC?ATTc	309
CPZGAB	---AGGA---ATTA-T----T---G-C---A-----G-A---CC---AA-GT-C----G---T---	634
CPZANT	---TACT--TGGC-C----C-C---A-T---C-----T-C---GA---GT-TA-T----A---A---	640

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	CCATACaTTATTGtgCcCCaGCTGGtTttGCgATtCTAAagTGTaa?	GataaggagTTcaatGGaacAGG	663
U455	-----	G---CCT-----A---	704
SF1703	-----T	T---GCA-----	728
IBNG	-----	G---A-G-----	701
Z321	-G---A-	GG---G---TG-A---A---	713
92RW020.5	C-----	G---CA-----	673
92UG031.7	-----	GA---T---GG-T---T-----	709
92UG037.8	-G-----A	A---T-----	712
92RW009.14	-A-----C	A---AA-----	709
TZ017	-----T	G---G-----G---G-----	686
D687	-----	G-GC---A-A-----	369
UG275A	C-----	T---C-----	704
UG273A	-----	C---A---T-----	722
VII191A	-G-----	A---GA-----	713
DJ264A	-----	T---A-----	698
DJ263A	G---A-----A	T---A-----	710
DJ258A	-----	T---A-----	704
KENYA	-----C	A---A-----	704
CARGAN	-A-T-----	T---G---AA---T-----	731
CARSAS	-----	G---C---A-----	725
CAR4054	T-----	T---CAA-A-----	704
CAR286A	T-----.	GG-----	763
CAR4023	-----T	T---C-A---G-----	761
CAR423A	T---G-----	GG---G---A-----	740
CONSENSUS-B	ccATacatTatTGTgcccCggcTGGtttgcgatTtcTaaaagTGTAAatgataagaagTTcaatGGaacAGg	675	
SF2	-----A-----	A---A-C-----A---	719
SF2B13	-----	A---A-C-----A-----	716
LAI	-----	A---A---C-----	725
HXB2R	-----	A---A---C-----	710
NY5CG	-----	C---A-----	695
NL43	-----	A---A---C-----	704
JRCSF	-----	A---CA---A-----	704
JRFL	-----	C---A-----	701
ALA1	-----	A-----A-----	704
JH32	-----	A-----	746
BAL1	-----	A-----A-----	722
YU2	-----	A-----A-----	698
BRVA	-----	A-----	710
91US005.11	-----C---A-----A-----	A-----	733
91US006.10	-----	A-----	727
BZ167A	-----	CA---C-----	740
MA208	-----A-----C-----	C---C-----	770
ETR	-----A-----G-----C-----	A---CA-----	731
BA1A	-----	A-----A-----	722
MN	-----C-----	A---C---A---G---A-----	725
QZ4589	-T-----A---A-----	A-----A-----	725
CAM1	-----A-----	-----A-----	713
ADA	-----A-----	A---C-----	698
JFL	-A-----A-----	-----A-----	701
SIMI84	-----A---A-----	-----	704
BCSG3C	-----	A-----	719
D31	-----A-----G-----A-----G-----A-----	T-----	710
SF162	-----	-----	704
OYI	----G-----A-T-----	-----	725
SF33	-T-----	A-----G---A-----	713
CDC42	-----A---A-----AC-----C-----G-----	A-----	743
HAN	-----A-----T-----A-----A-----	A-----	716

CONSENSUS-B	ccATacatTatTGtgcCcGgcTGGtttgcaTtcTaaagTGTAtgataagaagTTcaatGGacaGg	675
ENVVA	-----C-----A-G-----CA-----C----G----A---	728
RF	-----CA-----	749
WMJ22	-----A-----	701
TB132	-----A-----GA-----G----AC--	668
92BR020.4	-----A-----A-----G-----	706
92TH014.12	-----A-----C-----CA-----A-----	685
92US711.14	-----T-----A-T-----CA-----C-----A-----	700
91US712.4	-----C-----	712
92US714.1	-----A-----A-----	736
92US715.6	-----T-----A-----A-----	718
92US716.6	-----C-----	694
92HT593.1	-----A-----G-----T-----	778
92HT594.10	-A-----A-----A-----CA-----	712
92HT596.4	-A-----A-----A-----C-----	715
92HT599.24	-----A-----A-----T-----	712
91HT651.11	-----GG---CCA-A---G-----	700
RJS	-----T-----G-----T-----	713
GUN	-----A-----C-----	609
SC	-----C-----T-----A-----T-----	710
92BR014.1	-T-----A-----T-----A-----T-----	715
92TH026.6	-----A-----A-----C-----A-----	685
92BR021.6	-----A-----T---C-----A-----	722
ACH9	-----A-----	587
ACP1	-----A-----	566
JM	-----GA---G-C-----A-----	650
WM	-----CA---C-G-----A-----	614
P896	-----T-----G-----G-----CA-----CA-----T-----	716
BWB11A	-----T-----	326
49L1R	-A-----T-----	398
VE1	-----T-----A-----	599
VE2	-----GA---A-C-----A-----	620
VE3	-----A-----C-----	551
VE4	-----	662
VE5	-----A-----CA-----T-----	629
VE6	-----T-----A-----A-----T-----	635
VE7	-----T-----	641
VE8	-----A-----C-----A-----	629
68A	-----CA---C-----A-----	707
RJSP3	-A-----A-----	405
US1	-----G-----A-----A-----	719
US2	-----T-----A-----C-----	713
US3	-----A-----G-----	704
US4	-----A-----	764
8020	-----A-----	677
17305	-----C-----G-----G-----A-----	644
24612	-----A-----A-----C-----	629
26807	-----A-----T-----	677
27290	T-----A-----C-----	641
27481	-----	626
4995	-----A-----C-----A-----	632
CM237X	-----C-----G-G-----CA-----A-----	585
91HT652.11	-----C-----A-----	691
3202A12	-----A-----G-----CA-----C-TG-----A-----	737
3202A21	-----T-----A-----T-----C-----A-----	719
MANC	-----A-----CA-----TG-----A-----	722
WEAU160	-----A-----AG-----	722
SAL1	-----G-----G-----A-C-C-----	719
CB1	-----A-----	359
CB2	-----A-----C-----	338
CB3	-A-----	356
CB4	-----A-----A-----G-----A-----	362
CB5	-----A-----C-----A-----	344
CB6	-----T-----	341
CB7	-----A-----C-----A-----	413
CB8	-----A-----A-----T-----	359
CB9	-----A-----C-----A-----A-----	341

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	CTATACAtTAtTGtgCtccaGCtGGtTaTGcGATtcTaAAGTGTaataATAagAcaTTcaatGGgAcAGG	668
93MW959.18	-----A-----	709
93MW960.3	-----G-----	679
93MW965.26	-----C-----	706
92BR025.9	-----G-----	700
UG268A2	-----A-----	725
SM145A	-----G-----	713
D757	-----	366
D747	-----GG-----	501
D760	-----C-----	527
D1044	-----C-C-CA-----	345
NOF	-----C-----	331
SH750	-----A-----	371
DLU	-----C-----	356
D1024	-----C-----	686
D744	-----C-A-----	368
D766	-----C-A-G-----	341
D808	-----C-CA-----	389
D868	-----C-----	380
ZAM18A	-----A-----	704
ZAM20A	-----A-T-G-----	749
DJ259A	-----GGG-----AC-----A-----	683
DJ373A	-----GGG---CA-A-----A-----	701
SE364A	-----T-----	710
U0GOM	-----C-----	344
BOOYD	-----	353
CONSENSUS-D	CcATaCATTaTTGTGCcCCAGCTGGaTttGCaATTCTAAAaTgtAa?gATAAgAagTTCAATGGgAcaGG	665
ELI	-----T-----G-----GA-----A-----	713
Z2Z6	-----T-----GA-----A-G-----A-----	713
Z6	-----T-----GA-----G-----A-----	716
NDK	-----T-----T-----G-----GA-----	695
92UG021.16	-----T-----A-----	685
92UG046.8	-----T-----G-----T-----G-----	719
92UG024.2	-----CA-----A-T-----G-----	712
92UG038.1	-----C-----G-----A-----A-----A-----	602
43425	-----T-C-G-----G-TC-GA-----A-----	602
JY1	-----T-----G-----A-----A-----A-----	746
43424E	-----T-----G-----G-----GA-----A-----	656
TZ005	-----T-----C-----	686
TZ012	-----G-----CA-----G-----	689
TZ023	-----C-----C-G-----	701
TZ030	-----T-----C-----G-----	686
TZ053	-----T-----T-----	695
TZ064	-----T-----	722
TZ112	-----C-----	689
UG269A	-----CC-----AG-----	727
UG274A2	-----A-G-----T-----G-----	725
SE365A2	-----T-----G-----A-----A-----	734
CAR4020	-----C-----A-----C-----A-----	806
93ZR001.3	-----T-----T-----A-G-----	703
GP120AA	-----T-----G-----GA-----A-----	661
CONSENSUS-E	CtATACATTATTGtaCtCCaGCTGgtTaTGCgATTtTaAAgTGTaATgatAAgaatTTcAaTGGgACAGG	711
93TH966.8	-----	712
93TH975.15	-----C-----C-----C-----	697
92TH011.5	-----	652
92TH006.5	-----G-----A-C-----	700
TN235	-----	728
TN239	-----	716
TN241	-----	597
TN242	-----	713
TN243	-----T-----	731
TN244	-----	615
92TH022.4	-----C-----T-C-----	712
1643E	-----	398
93TH976.17	-----	718
CM240X	-----	719
CARELO	-C-----G-C-G-A-T-----G-G-----A-----	740
CAR4017	-----G-----G-----A-----A-----	731
CAR4071	-C-----CG-----A-----T-----A-----	734
CARMBA	-C-----G-----AG-----C-----A-----	704

CONSENSUS-F	CCATACATTAtTGTGCTCCAGcTGGtTATGCgATTcTAAagTGTAAATGAtAAaAAGTTCAatGGGACgGG	686
BRA7944	-----C-----A-----G-----A-G-----	623
BZ163A	-----T-----	708
BZ126A	-----A-----	712
RJI03	-----	347
93BR020.17	-----T-----G-----T-----CA-----	712
93BR029.2	-----G-----A-----	715
CONSENSUS-G	CCATACATTATTGtGCTCCAGCTGGtTtTGCgaTTaAgTGTAggGATAagaA?TTCAaTGGAACAGG	699
LBV217	-----C-----G-----C---CA-----G-----	740
RU511B	-----C-----	602
RU570	-----C-----	596
92RU131.9	-----	709
47621	-----A-C-----A-----GCAG-G-----	605
47622	-----A-C-----A-----GCAG-G-----	605
92UG975.10	-----C-----G-----AC-----AA-----G-----	718
CAR4067	-----A-----A-----T-----G-----	710
CONSENSUS-O	CcATACACTATTGTGCTCCAgCaGGATA TGCCATCTTAAGTGTAAAtgacACAGaaTTAATGGAACAGG	672
ANT70	-A-----T-----CAG-----	698
MVP5180	-----A-----C-----	710
VAU	-----G-----G-----A-----G-----	713
CONSENSUS-U	CcATACATTATTGTGCCcCCaGCTGGTTTGCgATTCTAAgTGTAAAtGATAAgAAGTCAATGGaAcAGG	596
CAR4081	-----T-----G-----A-----	713
Z3	-----T-----	701
GM4	-----C-A-----A-----G-----	263
CONSENSUS-A	CCATACaTTATTGtgCcCCaGCTGGtTttGCgATtCTAAagTGTAA?GataaggagTTcaatGGAacAGG	663
AD_K124A2	-----T-----C-----G-----	725
DA_MAL	-----A-----T-----A-----G-A-----	725
AD_UG266A2	-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----G-G-----	707
CA_ZAM184	-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----	683
GX_VI525A2	-----T-----A-----T-----GG-----G-----A-T-----C-----	749
BF_RJI01.5	-----TG-----G-----A-----T-----A-----	405
EA_CAR4039	-----A-----A-----G-----A-----	710
FB_93BR019.10	-----T-----A-----TA-----AAC-----G-G-----	703
CD_DI2ACD	-----A-----A-----A-----T-----A-----G-G-----	704
DA_TZ016	-----T-----A-----A-----C-----A-----G-G-----	686
CONSENSUS-CPZ	C?ATACA?TATTGTGC?CCAGCAGG?T?TGC?AT?T?A?ATG?A?GAT?A?GA?TTT?CAGGA?AGG	360
CPZGAB	-A-----C-----A-----G-T-----A-----TC-T-A-----CA-T-----A-A-----C-----T-----AA-----	704
CPZANT	-T-----T-----A-----A-----T-----AT-G-G-----TG-----G-G-----T-----A-----GT-----	710

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	GccatgcAagAATGTcAGcaCaGtaCAATGcACacATGGA...?ATcAagCCAGtagTatCAACtCaaCTg	730
U455	-----G-----T-----G-----	771
SF1703	-----A-----G-----A-----C-----	795
IBNG	-----A-----G-----	768
Z321	-----G-----G-----	780
92RW020.5	-----G-----A-----	740
92UG031.7	-----T-----A-----C-----	776
92UG037.8	-----T-----A-----G-----	779
92RW009.14	-----T-----G-----	776
TZ017	-----T-----GA-----	753
D687	-T----GC---A-----G-----	433
K114	-----	25
UG06	-----	34
UG275A	-AT---T---T-----G-----	771
UG273A	--T-----T-----G-----	789
VII191A	-----G-----T-----G-----G-----A-----	780
DJ264A	-----T-----	765
DJ263A	--T-----T-----T-----A-----A-----	777
DJ258A	-----T-----C-----	771
KENYA	-----C-----	771
CARGAN	-----G-----T-----A-----A-----	798
CARSAS	-----T-----T-----G-----A-----	792
CAR4054	-----T-----	771
CAR286A	-----.	828
CAR4023	-----G-----G-----A-----	828
CAR423A	-----T-----C-----	807
CONSENSUS-B	accatGTacaaaatgTcAGcaCagTaCAaTGtaCaCATgGa...ATtAggCCagtaGtataactcaactg	742
SF2	-----A-----G-----	786
SF2B13	-----A-----G-----	783
LAI	-----	792
HXB2R	-----	777
NY5CG	-----T-----AA-----G-----	762
NL43	-----C-----	771
JRCSF	--A---A-----	771
JRFL	-----A-----	768
ALA1	-A---A---C-----A-----	771
JH32	-----A-----G-----	813
BALL	-----	789
YU2	-----	765
BRVA	-----C-----T-----	777
91US005.11	G-----A-----G-----A-----	800
91US006.10	-----A-----C-----G-----T-----	794
BZ167A	-----AT-G-----A-----A-----	807
MA208	-----A-----	837
ETR	-----A-----	798
BA1A	-----T-----G-----	789
MN	-----T-----A-----	792
QZ4589	-----A-----G-----A-----G-----	792
CAM1	-----G-----G-----C-----A-----	780
ADA	G-----A-----G-----	765
JFL	-----A-----G-----CT-----	768
SIMI84	-----A-----C-----A-----G-----	771
BCSG3C	-T-----A-----A-----	786
D31	--A---A---C-----G-----	777
SF162	-----A-----G-----T-----	771
OYI	-----A-----G-----	792
SF33	T-A-----A-----G-----	780
CDC42	-----G-----	810
HAN	-----A-----G-----	783

CONSENSUS-B	accatGtacaaatgTcAGcaCagTaCAaTGtaCaCAtgGa...ATtAggCCagtaGtatcaactcaactg	742
ENVVA	-----G-----	795
RF	-----A-----G-----	816
WMJ22	-----T-----A-----G-----	768
TB132	-----A-----A-----G-----	735
92BR020.4	-----C-----A-----G-C-----	773
92TH014.12	-----T-----	752
92US711.14	-----	767
91US712.4	-----A-----	779
92US714.1	-----A-----G-----	803
92US715.6	-----C-----A-----	785
92US716.6	-T-----G-----C-----A-----C-----	761
92HT593.1	-----A-----C-----A-----G-----	845
92HT594.10	-----G-----	779
92HT596.4	-----G-----	782
92HT599.24	-----A-----C-----G-----	779
91HT651.11	-----G-----A-----G-----	767
RJS	-----	780
GUN	-----A-----T-----G-----C-----	676
SC	-----	777
SBA	-----	20
SBB	-----	20
SBC	-----	20
92BR014.1	-----G-----G-----A-----	782
92TH026.6	-----T-----	752
92BR021.6	-A-----A-----G-----G-----T--	789
ACH9	-----A-----G-----	654
ACP1	-A-----T-----C-----G-----	633
JM	-A-----	717
WM	-----G-----	681
P896	-----C-----G-----G-----	783
BWB11A	-----G-----T-----	393
49L1R	-AA----AC-----A-----T-----C-----	465
VE1	-----	666
VE2	-----A-G-----A-----	687
VE3	-----T-----C-----	618
VE4	-----GC-----G-C-----A-----	729
VE5	-----C-----A-----G-----	696
VE6	-----A-----A-----G-----	702
VE7	-A-----A-----	708
VE8	-----	696
68A	-----C-----	774
RJSP3	-TTC---A-----T-----G-----G-----G-----	472
US1	--A---C-A---T-----	786
US2	-----	780
US3	-----G-----A-----G-----T-----	771
US4	-----A-----C-----A-----A-----	831
8020	--C-A-----A-----G-----	744
17305	-----	711
24612	--G-G---G-----A-----	696
26807	-----A-----A-----	744
27290	-----A-----A-----A-----	708
27481	-----T-----A-----	693
4995	-----	699
CM237X	-----T-----C-----G-----	652
91HT652.11	--T---A-----	758
3202A12	--T-----	804
3202A21	-----A-----C-----	786
MANC	--A-----A-----G-----	789
WEAU160	--C---A-----C-----A-----G-----C---T--	789
SAL1	-----T-----A-----	786
CB1	-----GA-----	426
CB2	-T-----A-----T-----	405
CB3	-GA---A---A-----C-----G-----	423
CB4	-GA-----	429
CB5	-----	411
CB6	-----A-----	408
CB7	-----A---AC---TGTC-ACTC-ACT-----	480
CB8	-----A---A-----G-----	426
CB9	-----C-----	408

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	aCCaTGccataAtgTcAGcACAgtaaaTgTACaCAtGGa...ATtAagCCAGTggTaTCAAcCtCAAcTa	735
93MW959.18	-----G-----.	776
93MW960.3	-----T-----T-----.	746
93MW965.26	-----A-G-C-----T-----.	773
92BR025.9	-----A-----A-----G-----.	767
UG268A2	-----TA-----.	792
SM145A	-----G-T-----C-G-----.	780
D757	-----CGTAC-----.	433
D747	-----A-----.	568
D760	-----.	594
D1044	-----.	412
NOF	-----A-----.	398
SH750	-----.	438
DLU	-----.	423
D1024	-----G-----.	753
D744	-----.	435
D766	-----G-----T-----.	408
D808	-----G-----G-----G-T-----C-----.	456
D868	-----AG-----.	447
ZAM18A	-----C-----C-----.	771
ZAM20A	G-----.	816
DJ259A	-----G-----A-----.	750
DJ373A	-----A-G-----T-----.	768
SE364A	-----A-----.	777
U0GOM	-----T-----.	411
BOOYD	-----G-----.	420
CONSENSUS-D	?ccatgaaaaAAtGTcAGcaCAGTaCAaTGTACACATGGG...ATtAggCCAGTaGTgTCAACtCAacTg	731
ELI	C-----C-----A-----G-----.	780
Z2Z6	C-----C-----A-----G-----.	780
Z6	C-----C-----A-----A-----G-----.	783
NDK	C-----TC-----A-----A-----G-----.	762
92UG021.16	T-----T-----G-----A-----.	752
92UG046.8	T-----C-----G-----G-----.	786
92UG024.2	T-----T-C-C-----G-C-----.	779
92UG038.1	C-----A-----.	669
43425	C-----T-----A-----A-----G-A-----.	669
JY1	C-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----.	813
43424E	C-----T-----A-----A-----G-A-----.	723
TZ005	T-----T-----C-----.	753
TZ012	T-----C-----A-----.	756
TZ023	T-----T-C-C-----.	768
TZ030	T-----T-----C-----.	753
TZ053	T-----C-----A-----.	762
TZ064	T-----C-----.	789
TZ112	T-ATGCA-----C-----.	756
UG269A	T-----G-----A-----.	794
UG274A2	T-----C-C-----G-----C-----.	792
SE365A2	C-----C-----A-----G-----.	801
CAR4020	C-T-----C-T-----G-----A-----A-----G-----.	873
93ZR001.3	C-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----.	770
GP120AA	CA-----G-----A-----A-----G-----G-----.	728
CONSENSUS-E	GCcAtGtAaAAAAtGTcAGCTCAGTACAATGCACACATGG...ATTAAGCCAGTGGTATCAACTCAAtTG	778
93TH966.8	-----C-----.	779
93TH975.15	-----.	764
92TH011.5	-----.	719
92TH006.5	-----.	767
TN235	-----.	795
TN239	-----T-----.	783
TN241	--A-C-----.	664
TN242	-----.	780
TN243	-----.	798
TN244	-----C-----.	682
92TH022.4	-----.	779
1643E	-----.	465
93TH976.17	-----.	785
CM240X	-----.	786
CARELO	--C-----.	807
CAR4017	--C-----.	798
CAR4071	-----G-A-----.	801
CARMBA	-----A-----.	771

CONSENSUS-F	gcCATGCaaGAATGTCaGcACAGTACAaTGTACACATGGAA...ATTAAACCAGTgGTATCaACTCAATTG	753
BRA7944	A-----A-----	690
BZ163A	-----G-----	774
BZ126A	A-----	779
RJI03	-----C-----	414
93BR020.17	-T-----T-----C-----	779
93BR029.2	-----GG-----	782
CONSENSUS-G	ACCaTGtaAaAATGTCAGTACAGTaCAATGTACACATGGAA...ATTAAAGCCAGTggTATCAACTCAAtTa	766
LBV217	---G-----G-----	807
RU511B	-----	669
RU570	-----A-----	663
92RU131.9	-----	776
47621	-----AA-----	672
47622	-----AA-----	672
92UG975.10	-----T-C----T-----G-----C-----	785
CAR4067	-----	777
G3	---A-----	24
G9	-----C-----	24
JP882	-----C-----	24
JV832	-----C-----	24
CONSENSUS-O	cctaTGaaaaAAcaTtaCaGTaGTTACTTGTACACATGGC...ATcAagCCAACAGTAAGTACtCAAaCTA	739
ANT70	-AC---G-----A-G-----T-G-----G-----	765
MVP5180	-----C-C--T--T--G-----	777
VAU	T--C--T--G-----A-----C-----	780
CONSENSUS-U	ACCATGcAAAAATGTCAGTACAGTaCAATGcACACATGGAA...ATtAaGCCAGTgGTaTCAACtCAAcTg	663
CAR4081	-----T-----G-----C-----A-----	780
Z3	-----C-----G-----G-----T-A-----	768
GM4	-----T-----C-----	330
CONSENSUS-A	GccatgcAagAATGTCAGcaCaGTaCAATGcACacATGG...?ATcAagCCAGtagTatCAAActCAAcTg	730
AD_K124A2	-----C-----	792
DA_MAL	AAT---T-A-----T-----T-----G-G-----	792
AD_UG266A2	C--C---A-C-----G-G-T-----T-G-----	774
CA_ZAM184	-T-----T-----T-----T-----T-G-----	750
GX_VI525A2	A-T---T-A-----T-----T-----G-----A-----	816
BF_RJI01.5	A---T-A-----T-----T-----G-----T-----	472
EA_CAR4039	-A-----T-T-----T-----G-----	777
FB_93BR019.10	-----C-----T-----T-----A-----G-----T-----	770
CD_DI2ACD	T-----A-----G-T-----G...A-----G-----	771
DA_TZ016	T-----T-A-C-----T-----A-----	753
CONSENSUS-CPZ	?A??TGTA??AATGT?????AGT?CATTG?AC?CATGGAA...AT?A??CCA?TGGT?C?AC??GTTA	403
CPZGAB	T-AA---CT---AAGTAC---G---T-A-----T-AA---G---TA-C---TCA---	771
CPZANT	G-TG---AA---CTCAGT---A---C-T-----A-GC---A---GG-A---ATG---	777

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	cTGtTaAATGGcAGtcTAGCAgaAgaa???	gaggTAatgaTtagaTCTgAaAataTcacAaAcAATgccA	797
U455	-----	AG----AA---G-----T-----A-	838
SF1703	-----	G...AG----A-----	862
IBNG	-----	G....A---G---C-----	835
Z321	--C-----	G....G-----T---G-----T-	847
92RW020.5	-----T-----	-----G-A---CA-----	807
92UG031.7	-----	A----G----GA-----G-C---T-----T-	843
92UG037.8	-----T-----	G...A-----	846
92RW009.14	-----	-----A---A-----T-----C	843
TZ017	-----	G-G-AAAA-----	823
D687	-----	-----A---G-----	500
K114	-----T-----	G...A---G-----CT---G---A-A-	92
L414	-----	A-----A-GC-----T-----	59
P104	-----	-----G-----	36
PZ61	-----	-----G-G-----	36
UG06	-----G-----C-----	A----AA-----T-G-----T-	101
CI211	-----	-G-----GA-----G-T-----	43
UG275A	-----T-----	G...A---A-----	838
UG273A	-----	AC----AA---A-----T-G-----T-	856
VI191A	-----	...A---A-----CT---G-T-----GG-	847
DJ264A	-----	-----G-----	832
DJ263A	-----	G...G-----C	844
DJ258A	-----T-----	G...G-----	838
KENYA	-----	G-----	838
CARGAN	-----	-----C---C-----A	865
CARSAS	-----C-----	G...A---A-----T-T-----	859
CAR4054	-----	-----	838
CAR286A	T-----	G...G-----CT-----G-----T-	895
CAR4023	-----	-----G-----C-A-----T	895
CAR423A	-----C-----	GG...A-----CT-----T-	874
CI31	-----	-G...A-T---GCA-----G-----	43
CI473	-----	-----GAA-G-----	43
CI451	-----	-----A---GC---A-----A---C-----	43
CI145	-----	-----A---G-----	43
CI3291	-----	-G...A-T---CA-----T-A-----	43
CI3263	-----	-G...A---G-----	43
CI201	-----	--G...A---A-GC-----G-----	43
CI3271	-----	-G...A---A-G-----	43
CI422	-----	-G---T----T-----G-C---G---G---A---	46
CI3301	-----	-G---T----G-----C-----	43
CA1	-----	--A---G-A---C-----A-----	43
CONSENSUS-B	ctgttaAATGGcAGtctagCagaagaa...	gaggTagtaaTtAgatctgaaAAttcacggacaaTgctA	809
SF2	-----	-----C-----A-----	853
SF2B13	-----	-----C-----	850
LAI	-----G-----	-----CC-----A-----	859
HXB2R	-----	-----TC-----	844
NY5CG	-----G-----	-----G-----A-----T-----	829
NL43	-----	-----T-----CC-----A-----	838
JRCSF	--C-----	...A---T-----C---T-----	838
JRFL	--C-----	-----C-----A-----	835
ALA1	-----	-----C-----	838
JH32	-----	-----G-----T-----	880
BAL1	-----	-----C-CC-----G-----	856
YU2	-----	-----A-----AA-----	832
BRVA	-----	-----A-----T-----	844
91US005.11	-----G-----	-----A-----G---CC-----T-AA-----	867
91US006.10	-----	-----A-----T-T-----	861
BZ167A	-----	-----G-----	874
MA208	-----A-----	-----A---CA-----	904
ETR	-----	-----G-----A-----T-----	865
BA1A	-----	-----C-----G-----	856
MN	-----	-----G-----T-T-----	859
QZ4589	--A---T-----	-----G-----T-AA-T-----	859
CAM1	T-----	-----A-----AA-----	847
ADA	-----	-----AGT-----A-----A-	832
JFL	-----	-----G-----T-----	835
SIMI84	--C-----T-----G-----	-----T-----	838
BCSG3C	-----C-----	-----CC-----T-----	853
D31	--C-----	-----C-----	844
SF162	-----	-----G-----A-----	838
OYI	-----C-----	-----A-----AGC-----AA-----	859
SF33	-----	-----C-----A-----	847
CDC42	-----	-----A-----	877
HAN	-----T-----	-----A-----C-----A-T---A-----	850

CONSENSUS-B	ctgttaAATGGcAGtctagCagaagaa...gaggTagtaaTtAgatctgaaAAttcacggacaaTgctA	809
ENVVA	-----T-----C-----A-----	862
RF	.....-----T-----	883
WMJ22	.....A-----A-----	835
TB132	--C-----Y-----T-A-----	802
92BR020.4	.....TA-----C---AA-----	840
92TH014.12	.....T-----AGC-----	819
92US711.14	---C-----C-----T-AA-----	834
91US712.4	---C-----G-----C-CC-C-T-----	846
92US714.1	---C-G-----C-----CC-T-A-----	870
92US715.6	.....G-C-CC-C-T-----	852
92US716.6	.....A-----A-----T-TA-----	828
92HT593.1	.....C-----C-----A-----	912
92HT594.10	.....-----AA-----	846
92HT596.4	.....-----AA-----	849
92HT599.24	T-----A-----G-----T-A-----	846
91HT651.11	-----G-----A-----	834
RJS	-----G-----A-----	847
GUN	-----G-----A-----	743
SC	.....C-----G-----	844
SBA	T-----.....C-----AA-----	87
SSB	-----G-----G-----A-----	87
SBC	-----C-----.....C-----AA-----	87
92BR014.1	.....C-----T-A-----	849
92TH026.6	-----T-----A-AGC-----A-----	819
92BR021.6	.....-----T-A-----	856
ACH9	.....-----AA-----	721
ACP1	.....-----A-----	700
JM	---C-----A-----G-----C-----AA-----	784
WM	-----C-----.....-----A-----	748
CAN0A	.....-----T-----A-T-----	52
P896	.....CA-----A-----	850
BWB11A	-----G-----G-C-----A-----	460
CI223	.....A-----C-----	43
49L1R	-----T-----C-----.....AT-----	532
VE1	-----A-----AA-A-----.....AA-----C-----	733
VE2	.....-----TC-----T-----	754
VE3	-----C-----.....C-----A-----	685
VE4	-----G-----.....C-----AA-----	796
VE5	T-----A-----.....AA-----	763
VE6	-----G-----A-----C-----.....A-----	769
VE7	-----G-----.....AA-T-----	775
VE8	.....-----CC-----T-----	763
68A	.....A-----.....A-----	841
RJSP3	-----G-----TA-----A-C-----T-----	539
US1	.....-----GG-----CC-----AA-----	853
US2	.....-----G-----T-----A-----	847
US3	-----A-----	838
US4	.....A-----C-----.....A-----	898
8020	.....A-G-----CC-----A-----	811
17305	-----A-----.....G-----A-----T-----	778
24612	-----A-----T-----G-C-----T-A-----	763
26807	-----A-----T-----G-C-----T-----A-----	811
27290	-----T-----A-----T-----G-C-----A-----	775
27481	-----T-----.....T-----C-----C-----	760
4995	.....-----C-CC-----A-----	766
CM237X	-----G-----A-----AGC-----G-----	719
91HT652.11	.....A-----A-----	825
92UG005	.....-----C-----AA-T-----	17
3202A12	.....-----C-----.....A-----	871
3202A21	.....-----CC-----T-A-----	853
MANC	-----C-----.....G-C-----C-----A-----	856
WEAU160	-----CA-----	856
SAL1	-----G-----A-----C-CC-T-A-----	853
CB1	.....-----CC-----C-----	493
CB2	-----C-----.....T-----T-----	472
CB3	.....A-----.....AA-----T-----	490
CB4	-----A-----.....C-----T-A-----	496
CB5	.....-----	478
CB6	.....-----C-----	475
CB7	AC-----.....CT-----A-T-----	547
CB8	.....-----A-----.....TA-----	493
CB9	T-----.....C-----A-----	475

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	cTGTTAaATGGTAGcctagCAGAagga...	GagATAATaaTtAGaTCTgAAAATCtgaCAaAcAAATgtca	802
93MW959.18	-----A-----	-----C-C-----	843
93MW960.3	.....	-----G-----	813
93MW965.26	-----A-----G-----	-----G-----	840
92BR025.9	-----T-----A-----A-----A-----G-----	-----A-----G-----	834
UG268A2	T-----TA-----A-----A-----	-----T-----C-----	859
SM145A	-----.....-----G-C-----	-----C-----	847
D757	.....	-----G-----	500
D747	.....	-----G-----	635
D760	.....	-----G-----	661
D1044	T-----.....-----C-----C-----	-----A-----	479
NOF	-----G-----T-----	-----A-----	465
SH750	-----A-----G-----G-----	-----	505
DLU	-----A-----	-----G-----	490
D1024	.....	-----T-----	820
D744	-----T-----G-----	-----A-----	502
D766	-----A-----	-----	475
D808	-----A-----	-----	523
D868	-----G-----A-----G-----	-----C-----	514
ZAM18A	-----A-----	-----G-----A-----C-----	838
ZAM20A	-----T-----A-----G-----	-----C-C-----	883
Z8A1	-----	-----	36
DJ259A	T-----.....-----AT-----T-----	-----C-----	817
DJ373A	T-----TAC-----G-AG-----T-----	-----C-----	835
SE364A	-----T-----.....-----A-----	-----T-----C-----	844
U0GOM	-----A-----	-----G-----	478
BOOYD	-----G-----G-----	-----A-----	487
CONSENSUS-D	?tgttgAATGGCAGtcTAGCAGAAGAa...	AGaTaATAatTAGATCtgAaaAtcTcaCaaA?AAAtGctA	796
ELI	C-----.....-----G-C-----C-----	-----C-----	847
Z2Z6	C-----.....-----C-----	-----C-----	847
Z6	C-----.....-----C-----C-----	-----C-----	850
NDK	C-----.....-----C-----C-----	-----C-----T-----	829
92UG021.16	T-----.....-----CA-----T-----	-----	819
92UG046.8	T-----.....	-----T-----	853
92UG024.2	T-----.....-----A-----	-----A-----T-----A-----	846
92UG038.1	CC---C-----T-----	-----A-T-----C-----	736
43425	C-----.....-----C-----	-----A-----G-C-----T-----	736
JY1	C-A-----	-----C-----T-----	880
43424E	C-----.....-----C-----	-----A-----G-C-----T-----	790
TZ005	T-----.....-----A-----	-----T-----T-----	820
TZ012	T-----.....	-----G-----T-----C-----	823
TZ023	T-----.....	-----T-----T-----	835
TZ030	T-----.....	-----T-----	820
TZ053	T-----.....	-----G-----T-----	829
TZ064	T-----.....	-----T-----	856
TZ112	T-----A-----	-----C-----	823
UG23	-----	-----C-----	24
UG269A	T-----.....	-----T-----	861
UG274A2	T-----.....	-----A-----T-----	859
SE365A2	C---A-----	-----T-----C-----	868
CAR4020	C---C-----	-----G-----C-----G-C-----	940
CI132	-----A-----C-----	-----G-----T-----T-----A-----	43
93ZR001.3	C-A-----G-----	-----C-----	837
GP120AA	C-----.....-----C-----	-----C-----T-----	795
CONSENSUS-E	CTGTTAAATGGcAGTcTAGCAGAAGaA...	gAgATAAaTAATcAGaTCTGAAaATCTCaCAaAcAAATGCCa	845
93TH966.8	-----	-----	846
93TH975.15	-----	-----G-----	831
92TH011.5	-----	-----	786
92TH006.5	-----	-----	834
TN235	-----	-----	862
TN239	.....-----A-----	-----	850
TN241	.....-----A-----	-----	731
TN242	.....	-----	847
TN243	-----	-----G-----	865
TN244	.....	-----	749
92TH022.4	-----	-----	846
1643E	.....-----G-----	-----	532
93TH976.17	-----	-----C-----	852
CM240X	-----	-----G-----	853
CARELO	-----T-----	-----	874
CAR4017	.....-----T-----	-----T-----	865
CAR4071	-----T-----A-----T-----	-----	868
CARMBA	.....	-----G-----	838

CONSENSUS-F	TTGTTAAATGGCAGCCTAGCAGAAgaa...	gataTaatAATcAGatctcAAAATATCtcAgAtAATgcAA	820
BRA7944	-----	-----	757
BZ163A	-----	-----	841
BZ126A	-----	-C-----	846
RJI03	-----G.....	C-T-----	481
93BR020.17	-----G.....G-G-----	-----	846
93BR029.2	-----A-----	-----	849
CA20	-----T-----G-----	A-----	43
CA16	-----T-----G-----	A-C-A-----	43
CA4	-----A-----C-T-----G-----	AG-A-A-----AT-----	43
VI354	-----G-----T-G-----G-----	A-G-----A-----	43
AR16	A-----G-----G-----	-----	43
AR18	A-G...A-----	-----	43
CONSENSUS-G	cTgcTgAATGGcAGt tTAGCAGAAgA...	GaaATAataaTTAGATCTgAAAac?TcACAgAcaATgCCA	832
LBV217	-----G-----	T-----A-----	874
RU511B	T-----C-----	A-----T-----	736
RU570	T-----C-----	A-----	730
92RU131.9	T-----C-----	G-----T-----	843
47621	--TT-----AG-----G-----	A-----	739
47622	--TT-----GC-----G-----	A-----	739
92UG975.10	T-----G-----G-----A-----C-T-----T-----	C-T-----A-----	852
CAR4067	G-----G-----	C-T-----A-----	844
G3	--A-A-----T-C-----G-----G-----	C-----	91
G9	--T-----G-----G-----G-C-----A-----	-----A-----	91
JP882	--T-----G-----TT-----	-----TT-----	91
JV832	-----T-----G-----TT-----A-----	-----A-----	91
CONSENSUS-H	?A?...?2?GTAAT?AT?AGATCT?AAAATATCACAGACAATACCA	-----	36
CA13	G-A...A-G-----G-----	-----	43
VI557	A-C...C-T-----A-----	-----	43
CONSENSUS-O	ATAcTaAATGGGACACTCTCTAAAGgA...AAaATAAgAAT?ATGGgAAaaaATATTtcgGAc?gtGgga	-----	804
ANT70	--T-----G-----C-----G-----T-----AG-----A-----	-----	832
MVP5180	--G-----G-A-----G-----T-----A-A-----ATCA-CA-----	-----	844
VAU	-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----	-----	847
VI686	-A-----A-----A-----A-----	-----A-----	43
CA9	-----T-----C-----A-----TC-----C-----	-----	43
CONSENSUS-U	CTgtTaAATGGcAGt ?TagCAGAAGAA...GAggTAaTAATTAGATCT?AAAATATCaCAGACAATgCcA	-----	728
CAR4081	--G-----CC-G-----A-----G-----C-----	-----	847
Z3	--A-----T-T-----G-----A-----	-----	835
GM4	--C-----T-A-----A-G-----A-----T-----	-----	397
Z1A	-----A-----T-----A-----	-----A-----	36
CONSENSUS-A	cTGtTaAATGGcAGtcTAGCAgAg?a???gaggTAatgaTtagaTCtgAaAataTcacAaAcAAATgccA	-----	796
AD_K124A2	-----G-----G-AA-----C-----C-----	-----	859
DA_MAL	-----A-----A-----C-----G-----A-T-----	-----	859
AD_UG266A2	T-----G-----A-----AA-G-A-----C-----T-----T-----	-----	841
CA_ZAM184	-----G-----G-----G-----T-----G-----T-----G-----	-----	817
GX_VI525A2	--C-G-----T-----AA-----AA-T-A-----CT-----	-----	883
BF_RJI01.5	T-----C-----A-----A-----A-C-----C-----T-GG-T-----A-----	-----	539
EA_CAR4039	-----G-----AA-----G-----	-----	844
FB_93BR019.10	T-----C-----G-A-----AGTA-----A-C-----C-----T-----G-T-----A-----	-----	837
FB_AR15	-----A-----TA-G-A-----C-----T-----G-T-----A-----	-----	43
CD_DI2ACD	T-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----	-----	838
DA_TZ016	-----AA...A-----	-----T-----	820
CONSENSUS-CPZ	CT?T?AATGGAA?TT????????A????????????TA????T?A????G?????AA?????AA??T????	-----	426
CPZGAB	--TA-T-----G-----TAGCTGA-GGA...AACAA-ACTG-A-GAGTG-AGAAT--GTCAA--AA-ACTG	-----	838
CPZANT	--AT-A-----C-----ACCAAC-AACACTTCAG--GTAA-G-AT...-GTGCG--AAATG--TC-GTGC	-----	844

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	aaAccaTAaTaGTacAgcTtg?taaggctGTAa?aATtaaTTGTaccAGACCT...aacaacaatacaAg	862
U455	-----TC---T-----A---C-----T-----T-----	902
SF1703	-----A---AAC---A---GA-----	929
IBNG	-----T-G-C---T-----A-----	902
Z321	---T-----TC-----AC---C---TG-----	914
92RW020.5	-----A---A---G---A-----	874
92UG031.7	-----A---CAC---CA---AC---G---TT-----	910
92UG037.8	---A-----A---AACG---A---C-----	913
92RW009.14	-C-----A---AACG---A---CT-----T-----	910
TZ017	---A-----A---AC---G---A---CA-----	890
D687	G---T-----T-G-T-----G-----C...GG-----A	567
K114	---A-----CC-----C-----C-----A-----	159
L414	-----T---T-----GA-----T-----T-----T-----	126
P104	-----T-----T-G-A-----G---T-----G-----	103
PZ61	-----T-----T-G-A-G-----G---T-----	103
UG06	-----A---ACC-----C-----T-----A---GGT---	168
CI211	---A-----A---CC---AAA---C---G-----T-----G-----	110
UG275A	---AT---C-G---T-A---ACC-C-----C-----	905
UG273A	-----C-----A---ACC-C-----A-----T-----GG-----	923
VI191A	-----TCG-----A-----G-----	914
DJ264A	---A-----G---T-G-T---C-----GG---C-----	899
DJ263A	---A-----T-G-T---GC-----G---C-----	911
DJ258A	---A-----T-G-T---C-----G---C-----G-----GG-----	905
KENYA	---AT-----AT-----CCG-----A-----	905
CARGAN	---A-----TC-----AT-----C-----T-----G---GG-C-----	932
CARSAS	-----AACC---T-----GA-----T-----C-----T-----	926
CAR4054	-----AAA---T-----G-----GG-----	905
CAR286A	-----AC-GT-----GG-----GG-----	962
CAR4023	-----AC-GT-----T-----	962
CAR423A	-----AC-GT-----G-----T-----	941
CI31	-G-----T---AC-G-----G-----	110
CI473	-----T-AAG-----A-----GG-----T-----	110
CI451	-----C-----A-----C-----	110
CI145	-----T-G-T-----G-----G-----	110
CI3291	-----T-AAA-----A-----GG-----	110
CI3263	-----T-GTC-----G-----GGT-----	110
CI201	---A-----T-G-T-----G-----G-----	110
CI3271	-----G---T-AAA-G---A-----A-----T-----GG-----	110
CI422	-----T-G-----A-----T-----C...-----T-----	113
CI3301	-----A-G-----C-----C-----C-----	110
CA1	---G---C-----T-G-C-----A-----	110
CONSENSUS-B	aaacccaTaatAgTaCAgctgaa?gaatctgTagaaATtaatTGTacaAGaccc???aacaacaatacaag	875
SF2	-----T-----C-----C-----	920
SF2B13	-----T-----C-----	917
LAI	-----CC-----	926
HXB2R	-----CAC-----	911
NY5CG	-----T-----	896
NL43	-----CAC-----	905
JRCSF	-----T-----A-----G-----G-----	905
JRFL	-----A-----	902
ALA1	-----C-----	905
JH32	-----A---C-----T-----G---G-C-----	947
BAL1	--GT-----T-----	923
YU2	---T-----C-----T-----	899
BRVA	-----T-----	911
91US005.11	-----G-----T-C-----T-----GG-----G-----	934
91US006.10	-----C-----T-----	928
BZ167A	-----T-----A---C-A-----GG-----	941
MA208	-----T-----A---C-----C-----GG-C-----	971
ETR	-----T---A---A-----T-----G-----	932
BA1A	-----T-----	923
MN	-----C-----T-----C-----T-----A-----	926
QZ4589	-----C---G-----T-----T-----C-----G-----	926
CAM1	-----A---G---C-----T-----	914
ADA	---A-----T---A-----	899
JFL	-----TA---A---C-----T-----	902
SIMI84	-----TA---T-----	905
BCSG3C	-----A---G-----C-----A---A-----	920
D31	-----G-----	911
SF162	-----T-----G-----T-----T-----	905
OYI	-----T-----TA-----	926
SF33	-----T-----T-T-----	914
CDC42	-----T-T-----C-----	944
HAN	-----T-----C-----	917

CONSENSUS-B	aaacccaTaatAgTaCAgctgaa?gaatctgTagaaATtaatTGtacaAGaccc??aacaacaatacaag	875
ENVVA	-----A-----C-----G-T-----T-----C-----	929
RF	-----T-C-----C-----	950
WMJ22	-----C-----T-----T-----GT-----	902
TB132	-----A-----C-----T-----T-----T-----	869
92BR020.4	-----G-----A-----G-----CC-----C-----	907
92TH014.12	G-GT-----T-----	886
92US711.14	-----G-----G-----	901
91US712.4	---T-----A-----T-----G-----T-----	913
92US714.1	---A-----GC-----T-----GA-C-----C-----C-T-----	937
92US715.6	-----T-----C-----G-----G-----	919
92US716.6	-----G-----G-----	895
92HT593.1	-----T-----A-----T-----A-----G-----	979
92HT594.10	-----A-----C-----G-----T-----T-----G-----	913
92HT596.4	-----A-----G-----T-----T-----T-----	916
92HT599.24	-----A-----TA-----G-A-----TT-----C-----	913
91HT651.11	-----TAC-----A-----C-----	901
RJS	-----T-----A-----T-----	917
GUN	-----T-----T-----A-----T-----	810
SC	-----A-----G-----	911
SBA	-----T-----A-----A-----G-----	154
SSB	-----C-----A-----	154
SBC	-----C-----C-----C-----T-----	154
92BR014.1	-----T-----	916
92TH026.6	---T-----T-----	886
92BR021.6	---T-----T-----A-----	923
ACH9	G-----C-----	788
ACP1	-----T-----TA-----A-----T-----	767
JM	-----CA-----A-----T-----G-----	851
WM	-----A-----C-----A-----C-----T-----	815
CAN0A	-----A-----A-----A-----	119
P896	-----A-----T-----	917
BWB11A	G-----C-----T-----T-----	527
CI223	-----C-----G-----T-----	110
49L1R	---A-----T-----C-----C-----A...GG-----	599
VE1	-----T-----T-----T-----	800
VE2	---T-----T-----	821
VE3	-----A-----T-----C-----	752
VE4	---T-----C-----G-----	863
VE5	-----C-----T-----T-----A-----	830
VE6	-----TC-----A-----G-----	836
VE7	-----A-----G-----	842
VE8	G-----T-----	830
68A	-----T-----C-----T-----C-----	908
RJSP3	-----A-----C-----A-----A-----G-----T-----A-----	606
US1	---T-----C-----C-----C-----T-----	920
US2	G-----GA-----G-----	914
US3	-----T-----	905
US4	-----T-----T-----T-----	965
8020	---A-----C-----C-----	878
17305	-----T-----G-----T-----G-----T-----	845
24612	---TT-----T-----C-----A-----G-----	830
26807	-----C-----	878
27290	-----T-----A-----	842
27481	-----A-----C-----C-----	827
4995	-----C-----C-----	833
CM237X	G-GT-----G-T-----	786
91HT652.11	-----C-----A-----C-----CC-----T-----	892
92UG005	---T-----T-----G-----AC-----C-----G-----T-----	84
3202A12	-----T-----C-----	938
3202A21	-----T-----C-----	920
MANC	-----T-----T-----	923
WEAU160	-----A-----T-----T-----CA-----	923
SAL1	-----G-----C-----T-----T-----A-----	920
CB1	-----T-----G-----A-----	560
CB2	-----G-----A-----G-----A-----	539
CB3	-----A-----T-----A-----C-----	557
CB4	-----T-----G-----CC-----	563
CB5	-----T-----A-----C-----C-----	545
CB6	-----CA-----A-----	542
CB7	-G-----TA-----G-----	614
CB8	-----TAA-----T-----A-----C-----	560
CB9	-----C-----G-----	542

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	AAAccATAaTAGtaCAtcTtaAt?AatCTgTAaaaaTTgtgtgtCaAGaccc...aacATAAtACAAG	868
93MW959.18	-----G-C-----G-----	910
93MW960.3	-----CT-----G-----	880
93MW965.26	-----G-----G-----G-----	907
92BR025.9	-----CG-----GG-----AAT-----G-----	901
UG268A2	---T-----G-----CA-----AAT-----G-G-----	926
SM145A	-----C-----CC-----AG-----TA...GC-----	914
D757	-----C-----AG-----	567
D747	-----C-----A-----	702
D760	-----C-----G-----	728
D1044	-----C-----G-A-C-----	546
NOF	-----G-----C-C-----A-----T-----	532
SH750	-----G-----G-----A-----G-----	572
DLU	-----G-----G-----A-----	557
D1024	---T-----C-----C-----	887
D744	-----C-----A-----	569
D766	-----C-----C-----	542
D808	-----T-----C-----	590
D868	---T-----G-----C-----C-----A-----	581
ZAM18A	-----G-----	905
ZAM20A	-----G-----A-----A-----G-----G-----T...GG-----	950
Z8A1	-----G-----GG-GC-----	103
DJ259A	---T-----G-----G-----C-----AAC-----G-----	884
DJ373A	---T-----G-----C-----AAT-----	902
SE364A	-----G-----A-----G-----	911
U0GOM	-----G-----G-----	545
BOOYD	-----C-----C-----G-----A-A-----	554
CONSENSUS-D	AAa?cATAATAGtACAgcTtAAtGagtCTgTAacaATTaattGTacaAGGCCc??tacaaaaatacaag	862
ELI	---A-----C-----T-----A-----A-----CC-----G-----	914
Z2Z6	---T-----C-----G-----C-----	914
Z6	---T-----C-----A-----G-----C-----	917
NDK	---C-----CA-----A-----GT-----	896
92UG021.16	---TT-----T-----C-----C-----	886
92UG046.8	---C-----C-----CT-----	920
92UG024.2	---T-----T-----GT-----C-----	913
92UG038.1	---C-----G-----G-----	803
43425	---A-----A-----C-----C-----GT-----	803
JY1	---C-----T-----GA-----	950
43424E	---A-----A-----TT-----C-----G-----	857
TZ005	---T-----G-----C-----C-----	887
TZ012	---GTT-----G-----C-GC-----	890
TZ023	---AT-----G-----T-----C-----	902
TZ030	---T-----C-----	887
TZ053	---TT-----A-----CT-----ATATAT-----T-----	899
TZ064	---AT-----C-----	923
TZ112	---T-----C-----	890
UG23	---C-----A-----A-----G-----	91
UG269A	---T-----C-----C-----C-----	928
UG274A2	---T-----G-----G-----CG-----	926
SE365A2	---C-----T-----A-----TG-----	935
CAR4020	---C-----G-----A-----AC-----G-----	1007
CI132	---T-----A-----C-----	110
93ZR001.3	---C-----T-----	904
GP120AA	---C-----G-----	862
CONSENSUS-E	aAAccATAATAGTGcACCTTAATAAAatCTGTAGaaATCAA TTGTACCAGACCc... TcCAacAAAtAcaAG	912
93TH966.8	-----	913
93TH975.15	-----T-----	898
92TH011.5	---T-----	853
92TH006.5	-----T-----	901
TN235	-----	929
TN239	-----	917
TN241	-----	798
TN242	-----	914
TN243	-----G-----	932
TN244	-----T-----	816
92TH022.4	-----	913
1643E	-----G-----	599
93TH976.17	-----G-----	919
CM240X	-----	920
CARELO	G-----	941
CAR4017	-----G-----	932
CAR4071	-----T...T-----A-----G-TG-----	935
CARMBA	-----C-----	905

CONSENSUS-F	AAAccATAATAGTaCAccTtAATgaAtCTgTacaAAATTaaTTGTACAAAGaCCc...AaCAAcaaTAcAAG	887
BRA7944	-----C-----G-----G-----	824
BZ163A	-----T-----G-----	908
BZ126A	-----T-----G-----	913
RJI03	-----T-----G-----G-----	548
93BR020.17	---T-----G-----G-----	913
93BR029.2	-----A-----T-----G-CG-----	916
CA20	-----GT-----AG-----G-----	110
CA16	--A-----G-----AG-----A-----G-----	110
CA4	--TT-----G-----AG-----G-----	110
VI354	--A-----G-----A-----G-----	110
AR16	-----T-----A-----	110
AR18	-----A-----	110
CONSENSUS-G	AAgtCATAATAGTgCAgCTTAAtaaa?cTaTAGaaATTa??TGtaccAGACCc...AAtAACAAATACAAG	896
LBV217	--AA-----AT-----T-----T-----GTG-----C-----	941
RU511B	-----T-----G-----TA-----	803
RU570	-----A-----T-----G-----CA-----T-----	797
92RU131.9	-----T-----G-----CA-----T-----	910
47621	--A-----A-CCC-----A-T-----CG-----GT-----C-----	806
47622	--A-----A-CCC-----A-T-----CG-----GT-----C-----	806
92UG975.10	-----G-----A-----G-----TA-----C-----C-----	919
CAR4067	--A-----T-----G-----TA-----	911
G3	-----A-----A-----G-----AT-----C-----	158
G9	-----G-TAG-----AT-----	158
JP882	-----GTAG-----AT-----	158
JV832	-----TAG-----AT-----T-----	158
CONSENSUS-H	AAAACATAATAGTACAGCTTAAAA?TCCTGTA?AATTAACTGTACCAGACCC...AACAAATAA?ACGAG	99
CA13	-----A-----GT-----C-----	110
VI557	-----G-----CC-----T-----	110
CONSENSUS-O	AaAAtATCaTAgTaACCCTAAAttcTactaTAaa?ATgaCcTGttagAGAccA...ggaAatca?acagT	869
ANT70	-----G-----C-----CC-----C-----A-----CA-----TA...GACA-----	896
MVP5180	-G-----CA-----C-----C-----CAT-----GA-----T-----GCAGAG-----	911
VAU	-G-----C-----C-----A-----A-----CA-----AG-----A-----G-----A-----	914
VI686	-----T-----GT-----A-----G-----T-----G-----T-----	110
CA9	-----G-----A-----G-----G-T-----A-----T-----C-----T-----	110
CONSENSUS-U	AaAccATAATAGTaCAgCTTaatgagaCTGTAaaAATTAAAtTGTaccCAGaCC???a?CaACaAtAcaAg	793
CAR4081	---T-----T-----T-----G-----G-----T...A-----	914
Z3	-----	905
GM4	-G-----A-----A-----CC-----G-----GT-----C...GC-----	464
Z1A	---A-----G-----GTAAC-C-----T...A-----T-----	103
CONSENSUS-A	aaAccataatagtacagcttg?taaggcctgtaa?attaaattgtaccagacct...aacaacaatacaag	861
AD_K124A2	-----T-----A-----TC-----G-----G-----	926
DA_MAL	-----A-----AA-G-AA-----C-----A-----G-----GGA-----	926
AD_UG266A2	-----T-----AA-G-T-----T-----C-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----	908
CA_ZAM184	-----A-----T-----AC-G-A-----CA-----G-----C-----G-----	884
GX_VI525A2	--GT-----G-----AA-G-AA-----GA-----C-----	950
BF_RJI01.5	---T-----C-----AA-G-AT-----GA-----A-----A-----	606
EA_CAR4039	-----G-T-----C-----CA-----C-----TC-----T-----	911
FB_93BR019.10	-----C-----AA-G-AT-----CAG-----A-----C-----T-----	904
FB_AR15	-----C-----AA-G-AT-----G-----CAG-----C-----A-----C-----T-----	110
CD_DI2ACD	---T-----CAA-G-T-----C-----C-----A-----G-----C...T-----A-----T-----	905
DA_TZ016	---A-----AT-----AC-G-----A-----G-----	887
CONSENSUS-CPZ	?TGT??G??T?G?A?A??A?T?GAA????T?A??T?A??TGT??AGACCA...GGAAA?A??ACA??	461
CPZGAB	A---CT-GA-A-T-C-GCT-G-A---GCAG-T-GTC-A-AT---CAT-----C-AT---AG	905
CPZANT	T---AA-AT-T-G-A-AGA-T-C---AACT-A-CAA-T-CA---ATA-----T-GG---GT	911

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	a...Aaaagt????????gtacgtata????????GgacCAGGaCaA?????gcattctatgcA...	902
U455	-.....-A.....A-----GGTATAGTATA--T-----T-----T-----	951
SF1703	-.....	969
IBNG	-.....-G.....-A-----G-----	942
Z321	-.....-.....A--TC-----G-----T-----	954
92RW020.5	-.....-G.....-A-G-----	914
92UG031.7	-.....	950
92UG037.8	-.....	953
92RW009.14	-.....-.....-A-----A-----T-----	950
TZ017	-.....	930
D687	T.....-A.....-A-----G-----G-----	607
K114	-.....-G.....A-A-----C-----T-----	199
L414	G.....G-----	166
P104	-.....-G-G.....A-A-C-----	143
PZ61	-.....-G.....A-A-C-----A-----G-----	143
UG06	-.....-G-C.....A-A-----G-----T-----A-----	208
CI211	-.....-.....AA-----	150
UG275A	-.....-C-----	945
UG273A	-.....-C-----	963
VI191A	-.....-G.....A-A-----G-----	954
DJ264A	-.....-G-----G-----G-----A-----	939
DJ263A	-.....	951
DJ258A	-.....	945
KENYA	-.....TG-----A-----	945
CARGAN	G.....-A.....TGG-A-----T-----C-----	972
CARSAS	-.....-G-A.....A-G-A-----G-----AT-----	966
CAR4054	-.....-GG.....A-A-----C-GGACAA-TA-T-----	951
CAR286A	-.....-.....A-----TATGCATATA-----G-----T-T-----	1011
CAR4023	-.....-G-C.....A-G-----A-T-----	1002
CAR423A	-.....-TG.....A-C-C-----GGACAA-TCA-----	987
CI31	-.....	150
CI473	-.....	156
CI451	-.....	150
CI145	-.....	150
CI3291	-.....T-----G-----A-----	150
CI3263	G.....-TGGAGAAATTGG-A-----G-G-----A-----	159
CI201	C-----A-----G-----A-----T-----	150
CI3271	-.....-G-----G-A-----G-----	150
CI422	G-----A-----T-----	153
CI3301	-.....	150
CA1	-.....-C-----G-----G-----G-----	150
CONSENSUS-B	a....aaaagt?????..aTacaTata??????ggaccaggaga.....gcattttataca...	915
SF2	-.....-CT-----	960
SF2B13	-.....-G-----C-----	957
LAI	-.....-C-G-----CCAGAGG-----GT-----	972
HXB2R	-.....-A-----C-G-----CCAGAGA-----GT-----	957
NY5CG	-.....-G-----GC-----G-----A-C-C-G-----	936
NL43	-.....-C-G-----CCAGAGG-----GT-----	951
JRCSF	-.....	945
JRFL	-.....	942
ALA1	-.....GG-G.....	945
JH32	-.....G-G.....	987
BAL1	-.....	963
YU2	-.....-A-----	939
BRVA	-.....-G-G.....-AC-G.....	951
91US005.11	-.....-C-----	974
91US006.10	-.....-AC-----	968
BZ167A	-.....-G-C-----G-----A-----	978
MA208	-.....-C-G-----	1011
ETR	-.....-G.....G-AC-G.....	972
BA1A	-.....	963
MN	-.....-G.....	966
QZ4589	-.....	966
CAM1	-.....-GC-----G-----A-G-G-----	954
ADA	G.....	939
JFL	-.....-CAC-C-----	942
SIMI84	-.....-C.....C-G-----GAA-G-----G-----	945
BCSG3C	-.....-C-----AC-CG-----T-A-----	960
D31	C.....-G.....G-----G-A-----	951
SF162	-.....-AC-----G-----G-----	945
OYI	-.....-C-G.....-TCA-----	966
SF33	-.....-G-G.....-AC-GT-----A-----T-C-----	954
CDC42	-.....-G.....G-ACGC-----T-GG-----	984
HAN	-.....-G-----	957

CONSENSUS-B	a....aaaagt???????.aTaca	tata?????ggaccaggaga.....gcattttataca...	915
ENVVA	-.....G-	.....-G-----	969
RF	-.....	-AC--AG.....	990
WMJ22	-.....G-	.C--TC-----	939
TB132	G.....C-r	..hC--G.....	909
92BR020.4	-.....G-	.....	947
92TH014.12	-.....	C.....C-----GG-----	926
92US711.14	-.....	C-----G-----	941
91US712.4	-.....	.....C-----	953
92US714.1	-.....G-	.....G-----T-----G-----	977
92US715.6	-.....	.....C-----	959
92US716.6	-.....	.....C-G-----	935
92HT593.1	C.....A-	.....TC-----CGCG-----	1019
92HT594.10	G.....G-	.....TC-----T-GG-----	953
92HT596.4	G.....G-	.....TC-----T-GG-----	956
92HT599.24	-.....GG-	.....G-GCGGACATATA-CGGC-----G.....A-----G-T-----	962
91HT651.11	-.....	.....A-----GG-----G-----	941
RJS	-.....G-CA-	.....G-----GT-----	957
GUN	-.....	.....AC-----T-----C-G-----	850
SC	-.....G-	.....-----G-----	951
SBA	-.....G-	.....A-----	194
SSB	C.....G-	.....TC-----GT-G-----	194
SBC	-.....	.....AG-----	194
92BR014.1	-.....G--GATA	.....-----C-G-----	959
92TH026.6	-.....	.....C-C-----CA-----GG-----	926
92BR021.6	-.....	.....G-----TGG-----G-----	963
ACH9	-.....	.....C-----A-----	828
ACP1	-.....G-	.....GG-----A-G-----	807
JM	-.....	.....C-----A-----	891
WM	-.....G-	.....-----A-----	855
CAN0A	-.....	.....G-----A-----	159
P896	-.....G--G.	.....T-TC----------G-----	957
BWB11A	-.....G-	.....A-G-----G-----	567
CI223	-.....	.....G-----C-----A-----G-----	150
49L1R	-.....GG-	.....C-T--C-----CAT-----AA-----TAC-----	639
VE1	-.....	.....G-----G-----A-G-----G-----	840
VE2	-.....C-G-	.....-----T-----A-----	861
VE3	-.....G-	.....GG-----T-----G-----	792
VE4	-.....G-	.....G-----TTC-----G-----	903
VE5	-.....G-	.....T-----	870
VE6	-.....G-	.....AC--G-----T-C-C-----	876
VE7	-.....G-G-	.....T-----T-----AG-----C-----	882
VE8	-.....G-	.....AG-----CG-----	870
68A	-.....G-	.....	948
RJSP3	-.....G-	.....G-----TGG-----A-----G-----	646
US1	-.....	.....-----A-----G-----	960
US2	-.....	.....	954
US3	-.....	.....C-----G-----	945
US4	-.....	.....-----G-----	1005
8020	-.....G--G.	.....G--AC--G-----T-GG-----	918
17305	-.....	.....	885
24612	-.....G-	.....-----T-----T-----	870
26807	-.....G-	.....G-----TGGACAT.....AT-GG-----T-----	924
27290	-.....G-G-	.....	882
27481	-.....G-	.....G-----T-----	867
4995	-.....G-G-	.....G-----G-----	873
CM237X	-.....	.....C-----A-----GG-----	826
91HT652.11	-.....G-	.....CC-----G-----	932
92UG005	-.....G-	.....-----C-----G-----	124
3202A12	-.....G-	.....-----A-----G-----	978
3202A21	-.....G-	.....-----A-----CA-----	960
MANC	-.....	.....T-C-----AG-----C-GT-----	963
WEAU160	-.....AA.	.....AC-T-----T-C-----	963
SAL1	-.....	.....C-----A-----CA-----	960
CB1	-.....	.....TC-----G-----	600
CB2	-.....G-	.....A-----G-----	579
CB3	-.....	.....G-----G-----G-----G-----	597
CB4	-.....G-	.....-----G-----	603
CB5	-.....	.....TA-----C-----	585
CB6	-.....G-	.....A-----	582
CB7	-.....G-	.....G-----G-----	654
CB8	-.....	.....A-----G-----	600
CB9	-.....	.....C-----G-----	582

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	a....aaAaGt.....ataAGgaTA.....	GGACCAGGaCAa.....acatTctaTgca...	908
93MW959.18	-....G-----A---	GT-----	950
93MW960.3	-.....	-----	920
93MW965.26	-.....G-G-----	G-----	947
92BR025.9	-.....	G-----	941
UG268A2	-....G-----	-----	966
SM145A	-.....G---A-----	-----	951
D757	-.....	-----	607
D747	G.....G-----	-----	742
D760	-.....	T-----	768
D1044	-.....	-----	586
NOF	-.....G.....G-----	G-----	572
SH750	-.....	G.....A-----	612
DLU	-.....	-----	597
D1024	G.....	-----	927
D744	-.....	-----	609
D766	-.....C-----	-----	582
D808	-.....-C-----	-----	630
D868	-.....	-----	621
ZAM18A	-.....	G-----	945
ZAM20A	-.....	C-----T-----	990
Z8A1	-.....	G-----	143
DJ259A	-....G-----	-----	924
DJ373A	G...C---C-----	-----	942
SE364A	-.....-G-----	C-----	951
U0GOM	-.....	G-----	585
BOOYD	-.....	G---C-----	594
CONSENSUS-D	a....caaag?....??acacctata.....	GgactAgGgCaa.....gcactcttatAca???	901
ELI	-.....A.....	T-----T...	954
Z2Z6	-.....G.....T-----	T-----G-----	954
Z6	-.....T.....	-----G-----	957
NDK	G.....G.....T-G-----	A-----T-----ATA	939
92UG021.16	C...T-C--G-----	--GG----G-----TC-----	926
92UG046.8	-....G-C-T.....	-----GTA-----	960
92UG024.2	-....G.....C-C-----	-----	953
92UG038.1	....AG-CAA.....AAA-----	A-----T-----	846
43425	-.....T-----A-----	C-----ATG-----	846
JY1	-.....T.....	-----	990
43424E	-.....T-----A-----	-----C-----	897
TZ005	-.....A.....-G-A-----	TC-----	927
TZ012	-....G-A.....A-----	AC-----A-----	930
TZ023	-....G-----G-----	-----	942
TZ030	-....C-T.....A-----	TC-----A-----T-----	927
TZ053	-....G---G.....A-----	TC-----TA-----	939
TZ064	-....GCC-T.....	CA-----T-----	963
TZ112	-....G.....AG-----	A-----T-----GG-----	930
UG23	-....C-G.....	-----AT-----	131
UG269A	-....C-G.....	C-A-----G-----TGG-GG-----	959
UG274A2	-....G.....C-----	AC-----	966
SE365A2	-....G.....	G-----T-----C-----	975
CAR4020	-....G-T.....	-----	1047
CI132	-....G-T.....A-----	C-----G-----	150
93ZR001.3	-....T-AG.....T-----	A-----A-----	944
GP120AA	-....T.....AG-----	C-----A-----	902
CONSENSUS-E	a....aCAAGT.....ataactaTa.....	GGaCCAGGaCaA.....GtATTCTATAGA...	952
93TH966.8	-.....-CC-----	-----	953
93TH975.15	-.....G-CG-----	-----	938
92TH011.5	-.....-G-----	-----	893
92TH006.5	-.....	-----	941
TN235	-.....-C-----T-----	-C-----	969
TN239	-.....	-----	957
TN241	-.....	-----	838
TN242	-.....	-----	954
TN243	R...C-----G-R.....	-----	972
TN244	-.....	-----	856
92TH022.4	-.....	-----	953
1643E	-.....T-C-GG-----	C---A-----	639
93TH976.17	-.....-CG-----	-----	959
CM240X	-.....	-----	960
CARELO	-.....GC-GG-----	A-----	981
CAR4017	-.....G-GG-----	A-----	972
CAR4071	-.....G-GA-----	G-G-----A-----	975
CARMBA	-.....G-CG-----	G-----	945

CONSENSUS-F	a...AaAaGt.....ATacataTa.....GGaCcAGGAcgA.....GcatTttATgCA...	927
BRA7944	G.....-----T---.....A-----A-----A-----	864
BZ163A	-.....-G-----.	948
BZ126A	-.....-----T-T-T..	953
RJI03	-.....-----C-T..	588
93BR020.17	-.....-----A.....TC-T--..	953
93BR029.2	-.....-----A.....	956
CA20	-.....-----C.....	150
CA16	-.....G--G.....G-----C-T-----T-C-----	150
CA4	G.....-----G.....A-----T-C-----	150
VI354	G.....-----G.....A-----TGA-----	150
AR16	-.....-----CG-----A-----A-----	150
AR18	-.....-----G-----A-----A-----	150
CONSENSUS-G	a...AAAAGT.....ATAa??tTc.....GgaCCaGGACAA.....GCgtTcTATgCA...	934
LBV217	-.....-----CACA-A.....-----T-----A-A-----	981
RU511B	-.....-----GT-A..	843
RU570	-.....-----GT-T..	837
92RU131.9	-.....-----CT-T..	950
47621	-.....-----CAC-----T-----A-T-----	846
47622	-.....-----CAC-----T-----A-T-----	846
92UG975.10	G.....-----AC-A.....G-----AA-----	959
CAR4067	-.....-----GC-T..	951
G3	-.....-----GAA-----T-----	198
G9	-.....-----CAC-----	198
JP882	-.....-----CA-----C-----	198
JV832	-.....-----CCAA-----	198
CONSENSUS-H	A...A?AAGT?????....ATA?GTATA.....GG?C?AGGACAA.....?CATTC?ATGCA...	133
CA13	-....G---ATGCGT----G-----A-G-----A---C-----	156
VI557	-....A-----A-----G-C-----G-----T-----	150
CONSENSUS-O	A...CAAAGAg.....ATaa??atA.....GGTCCA...aTG.....gc?TGGtacAGC...	903
ANT70	-.....G-GA-----	933
MVP5180	-.....T.....TAT-C-----	948
VAU	-.....A-----TGGC-----	951
VI686	-.....G-AG-----	147
CA9	-.....GA-----C-----A-----T-----	147
CONSENSUS-U	A???aAaGT.....?TAcgtATA.....GG?CCAGGacAA.....g?attCTATGCA...	830
CAR4081	-.....G--A-G-----G-----AC-----	954
Z3	-AGAC-----A-----A-----A-----T-----	948
GM4	-.....G-----A--AC-----A-----G-----TGC-----	504
Z1A	-.....G-----G-----C-----	143
CONSENSUS-A	a....aaaagt????????gtacgtata????????ggaccaggacaa?????gcattctatgca...	901
AD_K124A2	-.....A-----	966
DA_MAL	-.....G-G-G.....A--A-T-C.....C-----G-----C-----A-----	966
AD_UG266A2	-ATAC---G.....AC-C-----G-----G-----C---T-----	948
CA_ZAM184	-....G-----A-C--CT-T.....-----C-----	921
GX_VI525A2	-.....A--AAAT-C.....A-----G-----TG-A-----	990
BF_RJI01.5	-.....A--AA-----TAG-----T-----	646
EA_CAR4039	-....C-----A-G-----T-----AA-----	951
FB_93BR019.10	-.....A--A-----T-----A-----	944
FB_AR15	-....G-----A-----T-T..	150
CD_DI2ACD	-...CG-G--.....AC--A-----T---G-G-----A---A-----	945
DA_TZ016	-.....	927
CONSENSUS-CPZ	?...?GA?A?.....?T?CA?ATA.....GG?CCAGGAATG.....AC?TT?TATAA?...	490
CPZGAB	G...G--G-G.....G-G-G-----G-----C-----T-----T...	945
CPZANT	A...A--A-T.....C-A--A-----A-----T-C-----C...	951

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	acaggtgacaTA.....ataGGg...gAtAtAAgacAaGCacAtTGtaatgTcAgtaga?	953
U455	-----A-A-----	1003
SF1703	-----T-----G-----A-----	1021
IBNG	-----A-A-----	994
Z321	-----A-----G-----C-----A-----	1006
92RW020.5	-----GT-----G-----C-----G-----	966
92UG031.7	-----A-----C-----AA-----T-----	1002
92UG037.8	-----T-----G-----GT-----	1005
92RW009.14	-----G-----T-----C-----A-G-----A-----	1002
TZ017	-----C-----T-----G-----	982
D687	-----G-----CG-----A-----G-----	659
K114	-----C-----A-----C-----A-A-----	251
L414	-----C-----A-----T-----A-----	218
P104	-----AA-----C-----G-----G-----A-----	195
PZ61	-----G-----G-----G-----G-----A-----	195
UG06	...A--A--T-----G-----T-----G-----T-----	254
CI211	-----T-----G-----	202
UG275A	-----A-----A-----G-----	997
UG273A	-----T-----A-----T-----	1015
VI191A	-----C-G-----CA-----A-----	1006
DJ264A	-----A-----T-----	991
DJ263A	-----T-----T-----	1003
DJ258A	-----C-----T-----	997
KENYA	-----A-C-----G-----	997
CARGAN	-T--A--G-----C-----A-----T-----CG-G-----A-C-A-----	1024
CARSAS	-----A-C-----G-----G-----T-----G-----	1018
CAR4054	-----T-----A-----G-----	1003
CAR286A	-----A-----TA-----CCA-T-A-----A-G-----	1060
CAR4023	-----T-----C-----T-----C-----C-----A-G-----	1054
CAR423A	-----A-A-----A-----T-----CA-----A-G-----	1039
CI31	-----A-----G-----A-----G-----	202
CI473	-----A-A-----A-----	208
CI451	-----G-----G-----A-----G-----	202
CI145	-----A-----A-----A-----A-----	202
CI3291	-----A-----C-----A-----	202
CI3263	-----A-G-----T-----A-----T-----A-----A-----	211
CI201	-----CCG-----A-----	202
CI3271	-----G-----A-----G-----	202
CI422	-----T-----A-GA-----A-----	205
CI3301	-----A-----A-----A-----A-----	202
CA1	-----C-----A-----	202
CONSENSUS-B	acaggagaaaata?????????....ataGga...gatataagacaagCacAtTGtaacaTtagtagag	967
SF2	-----AG-----A-----	1012
SF2B13	-----AG-----A-----G-----A-----	1009
LAI	-T---A-----A-----G-----	1021
HXB2R	-T---A-----A-----G-----	1006
NY5CG	-G-A-A-----C-----	988
NL43	-T---A-----A-----G-----	1000
JRCSF	-----	997
JRFL	-----	994
ALA1	-----A-C-----A-----A-----	997
JH32	-----AA-C-----GC-----T-----A-----	1039
BAL1	-----	1015
YU2	-----	991
BRVA	-----C-----G-----C-----A-----	1003
91US005.11	-----C-----C-----G-----A-----	1026
91US006.10	-----C-----T-----C-----A-----	1020
BZ167A	-----A-----G-----T-----G-----	1030
MA208	-----C-----A-----	1063
ETR	-----	1024
BA1A	-----C-----	1015
MN	-----AA-A-T-----AC-----	1018
QZ4589	-----C-----A-----	1015
CAM1	-----ACAG-----C-----TA-----	1006
ADA	-----C-----A-----	991
JFL	-----C-----C-----	994
SIMI84	-----C-----GGAGGATAT-----C-----T-----	1006
BCSG3C	-----G-----C-----	1012
D31	-----A-----G-----	1003
SF162	-----C-----G-----	997
OYI	-----AA-C-----C-----	1018
SF33	-----A-----T-----	1006
CDC42	-----C-----A-----G-----	1036
HAN	-----AG-----T-----	1009

CONSENSUS-B	acaggagaaaata?????????....ataGga...gatataagacaagCacAtTGtaacaTtagtagag	967
ENVVA	-----AG-----.....-----C-----	1021
RF	-----C-----.....A-----C-----	1042
WMJ22	-----A-----.....AT-----	991
TB132	-----.....G-----CA-----	961
92BR020.4	-----C-----.....C-C-----	999
92TH014.12	-----C-----.....C-----CA-----	978
92US711.14	-----.....G-----C-C-A-A-A-----	993
91US712.4	-----T-----.....A-----	1005
92US714.1	-----T-----.....C-----A-----	1029
92US715.6	-----.....C-----A-----	1011
92US716.6	-----C-----.....C-----	987
92HT593.1	-----A-G-----.....A-----	1068
92HT594.10	-----C-----.....A-----C-----CA-----	1005
92HT596.4	-----C-----.....A-----C-----CA-----	1008
92HT599.24	-----C-C-----G-----.....A-----C-----T-----	1011
91HT651.11	-----A-C-----.....C-----G-C-----	990
RJS	-----GC-----.....C-----	1009
GUN	-T-A-A-----.....A-----A-----	902
SC	-----C-----.....	1003
SBA	-----C-----.....C-----GA-----	246
SSB	G-A-----.....A-----C-T-A-----	246
SBC	-----.....C-----C-T-----	246
92BR014.1	-----G-----.....A-----A-----C-T-----C-C-GA-TA-----	1008
92TH026.6	-----C-----.....A-----C-----CA-----	978
92BR021.6	-----.....A-----C-----T-----	1015
ACH9	-----C-----.....G-----C-----	880
ACP1	G-A-A-----.....A-----A-----	859
JM	-----T-----.....A-----T-----A-----	943
WM	-----.....A-----	907
CAN0A	-----G-----.....C-----	211
P896	-G-A-A-C-----.....	1009
BWB11A	-----C-----.....	619
CI223	-----.....A-----T-----C-----G-----	202
49L1R	T-TA-G-----.....TG-----GC-----A-TCA-----	691
VE1	-----.....C-----G-----T-----G-----A-----	892
VE2	-----AG-C-----.....	913
VE3	-----G-----.....C-----	844
VE4	-AC-----.....A-----.....G-A-----	955
VE5	-----A-A-----.....A-----A-----T-----C-C-C-A-A-----	922
VE6	-----C-----.....A-A-----T-----	928
VE7	-----ACAT-----.....C-----C-----	931
VE8	-A---AG-----.....C-----A-----A-----	922
68A	-----C-----.....A-----A-----A-----A-----	1000
RJSP3	-----AG-----.....TC-C-A-----	698
US1	-----GC-----.....G-T-----A-----	1012
US2	-----A-T-----.....	1006
US3	-----C-----.....G-----A-----	997
US4	-----T-T-----.....C-----T-----A-----	1057
8020	-----G-----.....C-----A-----C-----	970
17305	-----C-----.....	937
24612	-----G-----.....C-----C-----A-----	922
26807	-----A-----.....C-----AGA-----T-C-G-----	976
27290	-----C-----.....C-----A-----T-C-----	934
27481	-----C-----.....C-----C-----G-----	919
4995	-----AG-----.....G-C-----G-----	925
CM237X	-----CC-----.....C-----CA-----	878
91HT652.11	-----C-----.....C-----T-----	984
92UG005	-----AACAT-G-----.....G-A-----G-A-----	173
3202A12	G-A-A-----.....-----C-----	1030
3202A21	-----C-----.....-----C-----	1012
MANC	-----A-CCG-----.....C-----A-----	1015
WEAU160	-----.....G-----C-----A-----	1015
SAL1	-----C-----.....C-----G-C-----C-----	1012
CB1	-----.....C-----G-----C-C-C-----	652
CB2	-----.....G-----C-----G-----C-C-C-----	631
CB3	-----AG-----.....A-----C-----	649
CB4	-----C-----.....G-----.....GA-----	655
CB5	-----C-----.....	637
CB6	-----C-----.....G-----C-G-----A-----	634
CB7	-----T-----.....A-----T-----	706
CB8	-----C-G-----.....C-----CGA-----	652
CB9	-----G-----.....GT-C-GA-A-----	634

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	AcaggaGacATA.....	ATAGGA...gAcATAAGacaAGCACAtTGtAACATTAgTaaag	960
93MW959.18	-ATAAT-----	-----C-----G-----	1002
93MW960.3	--AAT-A-----	-----A-----G-----GG-A	972
93MW965.26	----C-----	-----T-----C-A	999
92BR025.9	----A-----	-----T-----G-A	993
UG268A2	-----	-----T-----T-C-----G-A	1018
SM145A	---AAT-----	-----	GG-- 1003
D757	-----	-----	G-- 659
D747	-----	-----	C 794
D760	-----	-----	G-- 820
D1044	-----	-----T-----	638
NOF	---AAT-C-----	-----	A 624
SH750	---AAC-----	-----	664
DLU	---AAT-G-----	-----	C-A 649
D1024	-----	-----G-----T-----G-	979
D744	-----A-----	-----G-----	661
D766	----G-----	-----G-----	634
D808	-----	-----	G-- 682
D868	-----	-----G-----T-----G-A	673
ZAM18A	--T-G-----	-----A-----	997
ZAM20A	--T-C-----	-----	G-A 1042
Z8A1	-----	-----T-----C-G-A	195
DJ259A	-----	-----T-----G-A	976
DJ373A	--T-----	-----T-----G-C	994
SE364A	-----	-----T-----GGT.	1002
U0GOM	---AAT-----	-----G-----C--	637
BOOYD	---AAT-----	-----	646
CONSENSUS-D	aca??agaata?????????	a?agga??gatatAaGacaAGCACATTGtAataTTAgt??ag	947
ELI	----TC-----	-----G-TC-----ATA-----G-----AG--	1003
Z2Z6	---A-C-----	-----G-A-T-----ATA-----G-----T-----AA-A	1003
Z6	----GCT-----	-----G-AC-AAAATA-----G-----AA--	1009
NDK	----G-A-AAGAAGAAA	-----C-----T-C-----G-----A-----CAG--	997
92UG021.16	-----	-----A-----	C-----GG-- 975
92UG046.8	---A-T-----	-----A-----T-----C-----GG--	1009
92UG024.2	-----G-----	-----T-A-----AG-----GA--	1002
92UG038.1	---AG-A-----	-----T-----AGG-----G-----CAGA--	895
43425	-----G-----	-----T-----C-----G-----GC--	892
JY1	-----G-----	-----A-----T-----GC--	1039
43424E	---GGGCA-----	-----T-----C-----G-----AA-A	949
TZ005	--AGA-T-C-----	-----GG-----C-----G-----C-----GG--	979
TZ012	-----	-----G-----	C--C-----GA-- 979
TZ023	--AAT-T-ACATA-----	-----TT-----G-----T-----C-----AG--	997
TZ030	----GG-----	-----T-----CC-----T-----C-----AA--	976
TZ053	---AT-----	-----GG-----AC-----C-----C-----AG--	988
TZ064	--AAA-AC-----	-----TG-----C-----C-----GG-A	1015
TZ112	G-ACA-----	-----T-----G-----T-----C-----CGG--	982
UG23	-AT-----G-----	-----A-C-----A-G-----G-----T-----AA-A	180
UG269A	----G-T-----	-----C-----	T-----C-----AA-- 1008
UG274A2	--CAAG-G-AAAAG-----	-----T-----A-G-----G-----G-----AA--	1024
SE365A2	----GG-----	-----A-----	C-----AA-- 1024
CAR4020	-----G-----	-----T-----G-----A-----AG-A	1096
CI132	----G-GG-----	-----T-----A-----GGGA	199
93ZR001.3	--AGGGT-AGGTA-----	-----C-----G-----G-----GA-A	999
GP120AA	----	-----T-----	GG-- 951
CONSENSUS-E	ACAGGAagacaTA.....	AtAGGa...gATATAAGaaaAGCATA TTGTGAGATTAATGgaA	1004
93TH966.8	-----T-----	-----C-----G-----A-----	1005
93TH975.15	-----	-----	990
92TH011.5	-----	-----A-----	945
92TH006.5	-----	-----C-----A--	993
TN235	-----	-----	1021
TN239	-----	-----A-----	1009
TN241	-----	-----	890
TN242	-----	-----	A-- 1006
TN243	-----	-----R-G-----	1024
TN244	-----	-----G-----	908
92TH022.4	-----	-----G-----	1005
1643E	--AG-----	-----C-----	691
93TH976.17	-----	-----C-----A-----	1011
CM240X	-----T-----	-----A-----G-----	1012
CARELO	----TC-----	-----C-----G-----	1033
CAR4017	----C-----	-----	T-----A----- 1024
CAR4071	----TC-----	-----C-----	1027
CARMBA	----A-----	-----G-----T-----	997

CONSENSUS-F	aCAgGagaaAta.....ataGGa...GAcATcAGAaAGGCacAtTGtaacgTtagTggaa	979
BRA7944	-----C-----T-----	916
BZ163A	-----C-----T-----	1000
BZ126A	G-----A-----C-----	1005
RJI03	-----C-----A-----CA-----	640
93BR020.17	G-----	1005
93BR029.2	-----	1008
CA20	-----T-C-----T-A-----T-C-----GT-A---A-A---	202
CA16	-----T-T---AT-----T-A-----T-----GT-A---A-A---	199
CA4	-----T-T-----T-A-----T-----G-A---A-AT---	202
VI354	-----A-T-CC-----C-----A-C-----A-C---AA-G	202
AR16	-----	202
AR18	-----C-----	202
CONSENSUS-G	ACAGGtgcATA.....ATAGGA...gAtATAAGACAA GCACATTGTAATgTtAgTagaa	986
LBV217	-----C-C-----C-----	1033
RU511B	-----A-----	895
RU570	-----A-T-----	889
92RU131.9	-----A-----	1002
47621	-----G-----	898
47622	-----G-----T-----A-----A-G-	898
92UG975.10	-----G-C-----G-----G-----G-G	1011
CAR4067	-----G-----	1003
G3	-----A-----	250
G9	-----A-C-----	250
JP882	-----A-C-----	250
JV832	-----T-----C-----	250
CONSENSUS-H	A?AGGTG?AT?.....ATAGGA...GATATAAGA?AAGCA?ATTGTAATATTA?T?G?G	176
CA13	-T-----CT--A-----C-----C-----G-G-A-	208
VI557	-C-----AC--C-----A-----T-----C-A-G-	202
CONSENSUS-O	ATGggc...cTagag?ga???aa?acaaaa?????agctCAAGGg?AGCTTATTGtAa?TATAaTgccA	957
ANT70	-----A---A---G-G-----GC-GGAAAC-----C-----C-G-----	994
MVP5180	---ACA...-TA-AA--AGT--C-AT-C-TCACCA--A-----T-----CA-----AAG-	1015
VAU	---C...-TAGT.....-T-----GGGG...GATA-----C-----T-----G-----	1009
VI686	-----G-A-AC---ACC---A-----AG-----C-GG-----	205
CA9	-----A---A-----TT-----AAC-----TT-----C-----A-----	208
CONSENSUS-U	acaggtga?atA.....ataGG...gatAtAaGACAAGCACATTGTA?aTtAgt?ga?	878
CAR4081	-----C-----	1006
Z3	.....-A-----GGT-----ATA-C-G-----	991
GM4	-----AG-----	556
Z1A	-----T-----	195
CONSENSUS-A	acaggtgacata.....ataggg...gatataagacaaggcacattgtaatgtcagtaga?	952
AD_K124A2	-----A...A-----G-----T-A-G--A	1018
DA_MAL	----GG-----G-----A-----AG-----T-----C-A-T-A-GA-A	1015
AD_UG266A2	---ACAAGA-G-----A---A...ATA-A-G-----A-T-----G	1000
CA_ZAM184	---AA-----	973
GX_VI525A2	-----C-----A...A-----T-----C-G	1042
BF_RJI01.5	-----A-----A-----GT-----CA-T-C---G	698
EA_CAR4039	-----AAG-----C---A-----A-----TTC-----G-GA-T-AGGA-G	1003
FB_93BR019.10	-----A---A-----A-----C---A-G-----C-T-----G-G	996
FB_AR15	-----AC-A-----A...-C-T-----G-----A-T-----G-G	202
CD_DI2ACD	-----AATAGA-----A...A-A-A-G---C-C-----AA-T-A-G--G	994
DA_TZ016	-----	979
CONSENSUS-CPZ	?TAGAAA??G?A.....??AGGA...GA?AC?AG????GC?T?CTGTA???T?AAT??GA	522
CPZGAB	A-----AT-T-----GT-----T-C---ATCT---C-A-----AGA-A---GG--	997
CPZANT	G-----TA-C-----AC-----C---T---GAAA---G-T-----CAG-C---AA--	1003

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	cagaaTGGaAtaaaacttTaca?aGGTa.....	?Gcta?acAatTAagaaaa.....?	acTt	1002
U455	GG--C-----G---A-----C-----.	-----GA-----AG-----A-G--	-----	1055
SF1703	----C-----GG-----.	-----C-AC-----A-GT-----T---	-----	1073
IBNG	-----TC-----.	-----T-C-----AG-CG-----T---	-----	1046
Z321	-----G-C-----TCCA-----.	-----GC-----.	C----	1058
92RW020.5	--A-----CG-C-----G-GG-----.	-----C-A-A-C-C-G-----C-----	G-----	1018
92UG031.7	-----GAC-C-----.	-----T-A-G-----.	T---G	1054
92UG037.8	--C-----G-G-----CC-----.	-----T-GG-----G-----.	T---G	1057
92RW009.14	-CA-----G-----A-----.	-----GA-A-----TC-C-----T---	-----	1054
TZ017	--G-----G-----G-----.	-----C-A-----C-C-----C-----	G-----	1034
D687	-----GG-----C-----.	-----GA-----C-----G-G-----.	T---G	711
K114	A---C-----G-T-A-T-CC-----.	-----C-----G-G-----C-A--	-----	303
L414	A---C-----G-C-----T-C-----.	-----A-----CA-----T---	-----	270
P104	--A-----G-----C-----CA-----.	-----GTG-----C-----	-----	247
PZ61	-----G-G-C-----A-----.	-----T-GGG-----C-----	-----	247
UG06	--C-G-----C-----.	-----T-C-A-----G-----.	T---G	306
CI211	--C-----C-----G-G-----.	-----C-AC-----A-T-----C-----	G-----	254
UG275A	-----G-----A-----.	-----TC-GC-----C-----.	C-----	1049
UG273A	-----GG-----G-----A-----.	-----TC-A-----C-----.	C---G	1067
VI191A	-----CC-----.	-----T-----G-----.	C-----	1058
DJ264A	--A-----C-----C-----G-----.	-----T-----G-G-----C---C	-----	1043
DJ263A	-----G-----C-----G-----.	-----C-----G-G-----C-----	G-----	1055
DJ258A	--A-----G-----A---G-----.	-----C-----G-G-----C---C	-----	1049
KENYA	-----C-----G-----A-----.	-----TC-C-A-----GG-----.	T---	1049
CARGAN	-----C-----C-----.	-----TA-A-A-----C-----.	T-T-G	1076
CARSAS	--AC-----AT-----.	-----GA-G-----C-G-----	-----	1070
CAR4054	-----G-----C-----C-----.	-----A-A-----TATG-G-----GT-----	-----	1055
CAR286A	--A-----C-----A-----.	-----GA-A-----GG-----AT-----	-----	1112
CAR4023	A-----C-CC-----C-G-----A-----.	-----A-A-----G-----CT-----AT-----	-----	1106
CAR423A	-----A-C-TG-----AG-A-----.	-----C-A-C-----GA-GC-----A-G-----	-----	1091
CI31	AG-----T-A-----GG-A-----.	-----T-A-----GG-----T-----	-----	254
CI473	G-----C-----C-----C-----.	-----C-A-----GG-G-----T-----	-----	260
CI451	-----G-----G-----GA-----G-----.	-----GCG-----G-G-----C-----	G-----	254
CI145	-----G-----G-C-----.	-----C-----AG-G-----C-----	G-----	254
CI3291	A-----G-----G-----G-----.	-----C-----GGGG-----T-----	-----	254
CI3263	-----TG-----GG-C-----A-C-----G-----.	-----G-----G-G-----T-T-----	-----	263
CI201	-----C-----G-----.	-----C-----GGG-----T-----	-----	254
CI3271	--A-----GC-----C-----G-----.	-----C-----G-G-----T-----	-----	254
CI422	-----G-G-----G-A-----.	-----GG-----T-C-----C-----	-----	257
CI3301	--C-----G-----A-----.	-----GA-----G-C-----C-----	G-----	254
CA1	-----C-----C-----.	-----T-C-----G-CG-----T-----	-----	254
CONSENSUS-B	caaaaTGGaataacaCttTaaaacagata.....	.gtta?aAaatTaagaga??????caatt	1018	
SF2	--C-----G-----.	-----A-----.	-----G-----	1064
SF2B13	--C-----G-----.	-----A-----.	-----G-----	1061
LAI	-----GC-----.	-----C-GC-----.	-----	1073
HXB2R	-----.	-----C-GC-----.	-----	1058
NY5CG	-----G-----.	-----C-----A-----.	-----	1040
NL43	-----GC-----.	-----C-GC-----.	-----	1052
JRCSF	--C-----.	-----GA-----.	-----	1049
JRFL	-----G-----.	-----T-----.	-----	1046
ALA1	-----G-GG-----.	-----GA-----.	-----	1049
JH32	--G-----GC-----.	-----GG-----A-----.	-----	1091
BAL1	-----G-----TA-----.	-----T-----.	-----	1067
YU2	--C-----G-A-----G-----.	-----C-T-----A-----.	-----	1043
BRVA	-----G-G-----.	-----C-----T-----.	-----	1055
91US005.11	A-G-----C-G-G-----G-----.	-----C-----.	A-----	1078
91US006.10	--C-----.	-----GG-----.	-----	1072
BZ167A	-T-----C-----.	-----C-----ATTGAA-----	-----	1088
MA208	-----GG-----G-----.	-----A-----.	-----	1115
ETR	--G-----A-----G-----.	-----C-AC-----A-----.	-----	1076
BA1A	-----G-----TA-----.	-----T-----.	-----	1067
MN	-----G-----G-----.	-----GC-----A-----.	-----	1070
QZ4589	-----G-----.	-----T-----.	-----	1067
CAM1	-----C-----.	-----C-----A-----.	-----	1058
ADA	-----T-A-----.	-----C-C-----A-----.	-----	1043
JFL	T-C-----.	-----T-G-----.	-----G-----	1046
SIMI84	-----G-----.	-----A-----A-----.	-----	1058
BCSG3C	-----G-----G-----.	-----T-----.	-----	1064
D31	-----G-G-----G-----.	-----A-----.	-----G-----	1055
SF162	A-----.	-----C-----CA-C-----.	-----	1049
OYI	---C-----G-G-A-----G-----.	-----C-C-----A-----.	-----	1070
SF33	-----A-----G-----G-----.	-----C-C-----.	-----	1058
CDC42	--C-----C-----.	-----C-C-CC-----.	-----	1088
HAN	---G-----A-----C-----C-A-----.	-----T-G-----ATTAGA-----	-----	1067

CONSENSUS-B	caaaaTGGaataacaCttTaaaacagata.....	gtta?aAaatTaagagaa?????caatt	1018
ENVVA	-----G-A-----.	.-----C-----.	1073
RF	--C-----G.	.-----C-----.	1094
WMJ22	-----.	.-----GAG-----.	1043
TB132	-----GG-----.	.-----A-----A-----.	1013
92BR020.4	--C-----G-----GCA-----.	.-----C-----.	1051
92TH014.12	-----G-----.	.AC-GA-----.	1030
92US711.14	-----G-AG-----G-----.	.TG-G-----G-----.	1045
91US712.4	-----.	.C-T-----A-----.	1057
92US714.1	-----G-G-----C-AG-----.	.-----A-----G-----.	1081
92US715.6	-----G-A-----AG-----.	.-----T-----G-----A-----.	1063
92US716.6	-----GC-----G-A-C-----.	.AC-T-----.	1039
92HT593.1	-----C-G-----A-----.	.-----GC-----.	1120
92HT594.10	-----G-----C-GG-----.	.-----GA-----C-----.	1057
92HT596.4	-----GC-----C-GG-----.	.-----GA-----C-----.	1060
92HT599.24	-----C-----C-G-----G-----.	.C-A-----C-----.	1063
91HT651.11	-----G-----GG-----C-----.	.-----C-----.	1042
RJS	--G-----G-G-G-----G-----.	.C-C-----.	1061
GUN	A---T-----.	.-----C-----.	954
SC	-----.	.-----T-----C-----.	1055
SBA	-----G-----G-----.	.-----G-GA-----.	298
SBB	-----G-----T-----.	.-----GC-----CAG-----.	298
SBC	-----T---GC-----A-----.	.-----GA-----.	298
92BR014.1	A-----.	.-----C-----A-----.	1060
92TH026.6	-----G-----A-----.	.AC-GA-----.	1030
92BR021.6	-----GC-----.	.AA-G-----A-C-----G-----.	1067
ACH9	--GC-----.	.-----C-----G-----.	932
ACP1	--G-----GT-----C-----.	.-----A-----C-----.	911
JM	A---T---T-----G-----G-----.	.C-GA-----G-----.	995
WM	T---C-----G-----.	.-----A-----.	959
CAN0A	--G-----A-----G-----.	.-----T-----C-----A-----.	263
P896	-----C-----.	.-----T-----.	1061
BWB11A	-----A-----GC-----.	.-----C-----.	671
CI223	-----.	.-----GG-----.	254
49L1R	--C-----T-T-G-----.	.-----GAT-----A-C-----.	743
VE1	-----G-----TG-----.	.CA-A-----C-----.	944
VE2	-----G-----G-----.	.C-A-----C-----.	965
VE3	T-----GG-----.	.C-A-----.	896
VE4	-----G-----.	.-----AG-----.	1007
VE5	-----T-----G-A-----.	.-----AC-----.	974
VE6	-----G-T-----G-A-G-----.	.C-T-----.	980
VE7	-----G-----.	.GA-G-----.	983
VE8	-----CG-A-----GG-A-----.	.-----C-----.	974
68A	--G-----T-----C-----.	.C-A-----G-----A-----.	1052
RJSP3	T-GC-----C-GA-----G-AG-----.	.C-T-----GA-C-----.	750
US1	-----G-----.	.ACA-A-----CA-----.	1064
US2	G-----.	.-----GC-----.	1058
US3	-----G-----G-----.	.-----A-----G-----.	1049
US4	-----C-----C-----G-----.	.-----GA-----.	1109
8020	--G-C-----A-----TGG-----.	.-----A-----CAATTA-----.	1028
17305	A-----G-----C-G-G-----.	.C-A-----A-----A-----A-----.	989
24612	-----G-----A-----.	.C-A-----A-----.	974
26807	-----.	.-----AG-----A-T-----A-----.	1028
27290	-----G-----.	.-----A-----G-----A-----.	986
27481	-----G-----.	.C-A-----C-----.	971
4995	A-----C-----G-----.	.GA-----CAAGAA-C-----.	983
CM237X	-----C-----.	.AC-GA-----.	930
91HT652.11	-----C-----C-G-----CAG-----.	.C-C-G-----A-----A-----A-----.	1036
92UG005	-----T-----C-----G-----.	.C-A-----C-----TT-----.	225
3202A12	--C-----.	.-----T-----.	1082
3202A21	-----.	.-----GC-----A-----.	1064
MANC	-----G-G-A-C-----.	.-----GA-----A-----.	1067
WEAU160	--GT-----.	.-----GA-----ATAAAAA-----.	1073
SAL1	--C-----A-----G-----.	.C-T-C-----.	1064
CB1	--C-----GC-A-----.	.-----CC-----G-----.	704
CB2	--G-----G-G-----C-C-----.	.-----C-----.	683
CB3	-----G-A-----.	.A-G-----A-----.	701
CB4	-----G-----C-T-----T-----.	.C-C-----.	707
CB5	-----GG-----.	.-----A-----G-----.	689
CB6	-----G-----.	.C-AC-----.	686
CB7	-----G-----.	.-----C-C-----.	758
CB8	-----.	.-----C-T-----.	704
CB9	-----.	.-----G-G-----.	686

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	ataaaaTGGAtgaaaCtTTAcggaaGTa.....?	gtaaaaAAAtTAgcAgaa.....cacTt	1011
93MW959.18	--GTC-----CAGT-----.	.G-----AA-----.	1054
93MW960.3	G-----CA-----C-----.	G-----.	1024
93MW965.26	T-----A-----GG-----.	.GAG-----AA-----.	1051
92BR025.9	CAGC-----CA-----G-----.	G-----G-----.	1045
UG268A2	--G-----AT-----TG-----.	.A-AG-----AA-AGG-----.	1070
SM145A	-----CAG-----C-----.	G-A-----.	1055
D757	G-----G-----.	G-----T-----.	711
D747	-----G-----.	G-----.	846
D760	-----G-----.	G-----C-----.	872
D1044	-----T-----.	G-A-----.	690
NOF	-GCT-----G-C---G-----.	.AAG-----A-----.	676
SH750	C----T----C----G----A----G-----.	.AAGG-G-----A-A-----.	716
DLU	GGGC-----CA-----CG-----.	.G-A-----AA-----A-T--.	701
D1024	-C-----G-----G-----.	G-----.	1031
D744	G--C---C---G-----G-----.	.A-----.	713
D766	-----G-----.	A-----AA-----.	686
D808	-----G-----.	.A-----.	734
D868	-C-----G-----G-----.	.A-----.	725
ZAM18A	-G-C-----A-----.	G-A-----G-----.	1049
ZAM20A	G-G-----A-----C---T---T-----.	.A---GG-----G-----.	1094
Z8A1	CA---T---C-A-C-----GG-----.	.A---G-----AG-A-G-----.	247
DJ259A	-AG-----AG-----.	.A-AG-----AA-ACG-----T--.	1028
DJ373A	-A-G-----A-----C-----.	.AAAGG-----AA-----.	1046
SE364A	...C-----C-----G-----.	.AAAGG-----CA-----.	1052
U0GOM	-----CA-----G-C-----.	G-A-----A-----T--.	689
BOOYD	TA-----CAC-----G-----.	.AAG-G-----AA-----.	698
CONSENSUS-D	cagaaaTGGataaaaaCttTAcAacaggTA.....	.GctaaaAAtTaggagac?....cTtcT	999
ELI	--C-----G-----A-----.	-----G-----AC-----.	1055
Z2Z6	AT-----G-A-----.	-----T-----A-----.	1055
Z6	A---T-----A-----G-----.	-----T-----A-----.	1061
NDK	-----G-----.	C---C-----A-----.	1049
92UG021.16	A-A-----.	-----GTG-----A-----.	1027
92UG046.8	-----.	-----.	1061
92UG024.2	---C-----G-----G-----.	-----AA-T-----T-----.	1054
92UG038.1	---T-----G-----.	-----A-----.	947
43425	--C-----.	-----T---G-----A-----.	944
JY1	-----C-----.	-----.	1091
43424E	A---T---GC---C-----G-----.	-----T---G-----AA-A-----.	1001
TZ005	A-----C-----T-----.	-----A-----.	1031
TZ012	---G-----.	-----AG-----A-----T-----.	1031
TZ023	--AG---G-----.	-----GG---C-----A-----.	1049
TZ030	-----G-----.	-----.	1028
TZ053	-----A-----.	-----G-----.	1040
TZ064	--AGC-----.	-----.	1067
TZ112	-----.	-----C-----.	1034
UG23	-----G-----G-----.	-----C-----A-----.	232
UG269A	--A---C-GG-----.	-----.	1060
UG274A2	--G---G-A-----.	-----AA---C-----T-T-----.	1076
SE365A2	A-AG-----.	-----T---G-----AA-----CT-----.	1076
CAR4020	A-----T-----A-----.	-----G-----A-----A-----T-----.	1148
CI132	A---C-----A-----.	-----T-----A---A-----.	251
93ZR001.3	T-A-----A-----.	-----GC-----AA-G-----.	1051
GP120AA	--A-----.	-----A-----G-----G-----.	1003
CONSENSUS-E	CaaaATGGaATgaAgcTTAAaaacAGgTa.....	.acTgaaaAaTTAaaaAgAg.....CAcTT	1056
93TH966.8	-----.	-----A-----.	1057
93TH975.15	-C-----G-----A-----.	.G-----.	1042
92TH011.5	-----T-----T-----.	-----A---G-----.	997
92TH006.5	-----A-----.	-----A-----.	1045
TN235	-----T-----C-----.	-----.	1073
TN239	-----.	-----.	1061
TN241	-----T-----.	-----G-G-----.	942
TN242	-----.	-----A-----.	1058
TN243	-----AG---T-----.	-----.	1076
TN244	--G---A-----.	-----G-----.	960
92TH022.4	-----A-----.	-----.	1057
1643E	-----A-----.	-----G-----.	743
93TH976.17	-----.	.G---GG-----A-----.	1063
CM240X	-----A---T-----.	-----.	1064
CARELO	--GC---C---A-----A-G-----.	.GT---G-----G-A-----.	1085
CAR4017	-----A-----G-----.	-----AG-----G-A-----.	1076
CAR4071	-----A---C---A-----.	.T-AG-----G-----.	1079
CARMBA	-----A-----G-----.	-----G---A-----.	1049

CONSENSUS-F	caCaaTGGAAataaaAc?tTAagaa?agGTA.....a?ggcaaagtTaaaagtct.....cattt	1028
BRA7944	-----G-----C-----.....-G----G-----G-----.....	968
BZ163A	-----A-----C-A-----.....-G-----.....	1052
BZ126A	-----A-----CG-----.....-G-----.....	1057
RJI03	-T-----TG-----C-----.....-A-----C-----C-----.....	692
93BR020.17	-----G-----C-----AG-----.....-G-----G-----A-----T-----	1057
93BR029.2	-----C-----G-----AG-----.....-G-----.....	1060
CA20	---TG-----G-T-----A-CA-----.....GTT-AGGC---CC-ACGC.....A-AAG	254
CA16	---TG-----G-C-----TC-----G-A-----.....GTT-A---AG-CG-AAGA.....-TCC-	251
CA4	---TG-----G-----T-----AC-C-----.....GTT-A-G-----C-----AAA.....-T-GA	254
VI354	A-----GG-----T-----AG-----.....-A-----A-----A-----GGAAGA.....-C--	254
AR16	-----G-----G-----A-----G-----.....-A-----A-----GC-----.....	254
AR18	A-----GG-----C-----AG-----C-----.....-G-----G-----.....	254
CONSENSUS-G	?AatTGGaa?gagAtGtTacaagaatGT?.....a??gca?aaCTAaaaagaa.....atctt	1032
LBV217	C-G-C-----GA-----C-----G-A-----.....-AA---C-----C-----G-----.....A	1085
RU511B	A-GC-----T-----C-----G-----G-----.....-CTA-A-----.....	947
RU570	A-----T-----GA-----G-----.....-CTA-A-----.....	941
92RU131.9	A-G-----T-----G-----G-----.....-CTA-A-----.....G-----.....	1054
47621	C---G-----CA-----A-G-G-----A-----.....-AG-ACA-G-----G-----ACC.....	945
47622	C---G-----CA-G-----A-G-G-----G-----.....-GG-A-A-----A-C-----.....	945
92UG975.10	G-----GTACA---C-----GG-----A-----.....-AA---C-----GC-AG-----C-----	1063
CAR4067	C-GC-----TC-----G-----.....-CTA-A-----.....-C-----.....	1055
G3	A-G-A-----C-----G-----G-----A-----.....CAG---C-----G-----C-G-----G-----	302
G9	T---A-----GC-----C-----C-----.....-TG-T-C-T-----GG-----.....A	302
JP882	A-----G-GA-----C-----C-----.....CAG-T-C-T-----GGA-----.....A	302
JV832	T---A-----G-----A-----C-----.....-CA---C-----G-----GGA-----.....A	302
CONSENSUS-H	?A?A?TGGAA? ??A??TTA???AGGTA.....G?T? ??CAATTAA?GA?AA.....CAC?T	208
CA13	C-A-G-----TGAC-TG-----ACCA-----.....-C-ACA-----G-----A-----C-----	260
VI557	A-G-T-----AAGG-CT-----CATG-----.....-T-CAG-----A-G-----.....T-	254
CONSENSUS-O	CTGatTGGaaAaaggcctTAaAAcAaAca.....gCTgaAAAGgTATTTAgAa.....CTtgT	1009
ANT70	-----G-----ATA-----.....	1046
MVP5180	---TA-----T-----C-----C-----.....-AT-----A-T-----.....	1067
VAU	-----C-----A-C-----A-C-T-----.....A-----A-----.....	1061
VI1686	-----.....TG-----A-----.....	257
CA9	-----A-----GG-----.....	260
CONSENSUS-U	ca?AaTGGAAtaAcACTtTAcaa?aggTA.....GcT?acaAtTAAGAaaA.....?ActT	924
CAR4081	--A-----A-C-G-----C-AA-----.....-AC-----.....T-----	1058
Z3	GGG-----GG-----T-----C-----.....-ATCGC-----G-----C-A-----	1043
GM4	--A-----GC-----C-----AGTAT-----.....-T-GC-A-C-----G-----T-----	608
Z1A	--G-G-----A-G-----T-CA-----.....-GT-----.....C-C-----	247
CONSENSUS-A	cagaaaTGGaaAtaaaaacttTaca?aaGGTa.....Gcta?acaAtTAagaaaa.....?acTt	1001
AD_K124A2	-----G-----C-----A-----.....AG-C-----A-----.....C-----	1070
DA_MAL	-----G-----C-----.....-GT-A-C-G-----GC-----CTTC-----	1067
AD_UG266A2	A-G-----C-----.....-A-A-----.....G-C-----CTTA-----	1052
CA_ZAM184	--A-----GCC-----A-----.....-A-----CA-----C-----T-----	1025
GX_VI525A2	A-A-----GG-----G-TG-----GA-T-----.....-GC-A-C-----CA-----G-A-----	1094
BF_RJI01.5	--C-----T-----G-C-AA-----.....-TCA-----G-----G-----C-A-----	750
EA_CAR4039	--C-----A-G-----.....ATAGG-A-----G-G-----C-----	1055
FB_93BR019.10	--C-----T-----AG-----AG-C-----.....AGGGC-G-G-----AGTCT-----T-T-----	1048
FB_AR15	--C-G-----C-G-G-----G-CG-----.....AAG-A-A-G-----CAGCCT-----C-T-----	254
CD_DI2ACD	--G-----C-----.....AT-----A-----G-C-----CTT-----	1046
DA_TZ016	--AG-----G-----A-----.....-TC-AC-----C-----T-----	1031
CONSENSUS-CPZ	C???ATGG?A?C?A?C?????A??AA??A????????????AG??TT????AA??.....??A??	542
CPZGAB	-CAC----A-T-G-A-GGTGG-AG-GT-----.....AAAA-GC-----TAGC---CC-----TC-TC	1049
CPZANT	-GCT---G-A-A-G-ACGTA-CA---AC-GAGCACGTTCTGCGG--CA-GGAA-AA.....GT-GA	1067

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	t?????????aAcaaaaaca.....?????ataatcTTtgctaac...?cctcaGGaGGGAT	1041
U455	-.....AAT-----.....G.....T-----	1098
SF1703	-.....AGT-----.....G.....T-----	1116
IBNG	-.....AAG---CC-----.....C---T-----	1089
Z321	-.....GTA--T-CC-GT.....ACAGAT-----T-----	1107
92RW020.5	-.....A-C-A-----ACA-----AG-A.....T-----	1061
92UG031.7	G.....-----A-----T-----	1094
92UG037.8	G.....-----C-----AAA-----T-----	1097
92RW009.14	-....GAG.....TT-----ACA-----T-----AAG-----T-----G-----	1100
TZ017	-.....GAG-----.....T-----A-----T-A-----	1077
D687	-.....AAG-T-C-----.....C-----CA-----	754
K114	-....GGGCATA-----C-----G-A.....C-G-----	343
L414	-.....GAG-----.....GC-----AA-A.....T-----	313
P104	-....GGGGAA-----.....G-----A-A.....C-----	293
PZ61	-....GGGGAA-----.....G-----A-C-A-----	293
UG06	G.....-----C-----A-----AG-A.....C-----	346
CI211	-.....GAG-----.....A-----T-A-----	297
UG275A	-....GGC.....-----G-----T-----	1092
UG273A	G.....-----A-A-----T-----	1107
VI191A	-ATAACTAACG-C-----AA-G.....T-----	1107
DJ264A	-.....C-----.....C-----	1083
DJ263A	-.....-----T-----	1095
DJ258A	-.....-----C-----.....T-----	1089
KENYA	-....GGGAAC-----.....AA-----T-----	1095
CARGAN	G.....-----A-CA-A.....C-G-----	1116
CARSAS	-.....-----A-----C-T-----	1110
CAR4054	-.....-----G-N-A-----CA-----	1095
CAR286A	-.....AAC-----.....A-----CA-----	1155
CAR4023	-.....AGC-----.....AA-G.....AG-----	1149
CAR423A	-.....-----T-----T-C-----A-A.....C-T-----	1131
CI31	-.....AAG-T-C-----ACA-----A-----CA-----	300
CI473	-.....-----T-----A-A.....T-----	300
CI451	-.....-----T-----G-C-----	294
CI145	-.....AAG-TGC-----.....C-----	297
CI3291	-....AGG-TG-C-----AAA-----A-C-----	300
CI3263	-....AAT-T-C-----.....CA-----	306
CI201	-....AAA-TGC-GT-----C-----G-G-----	297
CI3271	-....AGG-TG-C-----ACA-----T.....G-----	300
CI422	-.....-----ATA-A-A-A.....T-----	300
CI3301	-.....-----C-A.....T-----	294
CA1	-....GGGAATG-C-----.....A-C-----	300
CONSENSUS-B	t...ggg??aataaaAca.....?????AtAgtcttaatcaa??tcctcaGgaGGgGAc	1061
SF2	-.....AAT-----.....	1110
SF2B13	-.....AAT-----.....	1107
LAI	-.....AAAT-----A-----G-----	1119
HXB2R	-.....AAAT-----A-----G-----	1104
NY5CG	-....A-.....	1083
NL43	-.....AAAT-----A-----G-----	1098
JRCSF	-.....AAT-----.....C-C-----T-----	1092
JRFL	-....A-.....-----C-----	1089
ALA1	-.....AAG-----.....G-----	1092
JH32	-....T-----.....G-----	1134
BAL1	-.....-----G-C-----	1110
YU2	-.....AAT-----A-----C-----	1089
BRVA	-....AAG-----.....G-----	1098
91US005.11	-....GAG-----.....C-C-A-----	1124
91US006.10	-....AAT-----.....G-C-----	1118
BZ167A	-....AAG-----.....	1131
MA208	-.....-----A-----	1158
ETR	-....A-.....-----.....	1119
BA1A	-....GGG-----.....G-T-----	1110
MN	-....AAG-----.....	1113
QZ4589	-....GAG-----.....	1113
CAM1	-.....-----G-----A-----	1101
ADA	-.....AAT-----.....	1089
JFL	-.....-----.....G-----	1089
SIMI84	-....AGG-----.....G-----	1104
BCSG3C	-....A-.....-----.....	1107
D31	-.....-----C-----	1098
SF162	-.....-----.....G-----	1092
OYI	-....A-.....-----C-G-G-----T-----	1113
SF33	-.....-----A-A-----A-----A-----	1101
CDC42	-.....-----C-----	1131
HAN	-....AA-----.....G-----A-----	1110

CONSENSUS-B	t...ggg??aataaaAca.....?????AtAgtcttaatcaa??tcctcaGgaGGgGAc	1061
ENVVA	-....AGG-----	1116
RF	-....AC.....	1137
WMJ22	-....AAG-----	1086
TB132	-....AAC---T-----	1056
92BR020.4	-....A-----	1094
92TH014.12	-....C-----	1073
92US711.14	-....A-----	1088
91US712.4	-....A-----	1100
92US714.1	-....A-----	1124
92US715.6	-....A-----	1106
92US716.6	-....A-----	1082
92HT593.1	-....A-----	1163
92HT594.10	-....A-----	1100
92HT596.4	-....A-----	1103
92HT599.24	-....GAT---G-----	1109
91HT651.11	-....A-----	1085
RJS	-....A-----	1104
GUN	-....A-----	997
SC	-....A-----	1098
SBA	-....AA-----	341
SSB	-....AAG-----	344
SBC	-....AA-----	341
92BR014.1	-....A-----	1103
92TH026.6	-....C-----	1073
92BR021.6	-....T-----	1107
ACH9	-....A-----	975
ACP1	-....AAT-----	957
JM	-....AA----G-----	1038
WM	-....AA-----	1002
CAN0A	-....A-----	306
P896	-....A-----	1104
BWB11A	-....T-----	714
CI223	-....AAAT-----	300
49L1R	-....AGG-----	786
VE1	-....AAT---C-----	990
VE2	-....GGG-----	1008
VE3	-....GGG-----	936
VE4	-....GGG-----	1050
VE5	-....GTG-----	1017
VE6	-....AGAA-----	1026
VE7	-....A-----	1023
VE8	-....AGG-----	1017
68A	-....GGG-----	1095
RJSP3	-....T-C-AC-----	796
US1	-....G-----	1107
US2	-....A-----	1101
US3	-....T-----	1092
US4	-....AAT-----	1155
8020	G....A-----	1074
17305	-....A-----	1032
24612	-....AAT-----	1020
26807	C....A-----	1071
27290	-....AGG-----	1032
27481	-....C-----	1014
4995	-....AAG-----	1026
CM237X	-....C-----	973
91HT652.11	-....CAT-----	1082
92UG005	-....AAT-G-C-----	268
3202A12	-....A-----	1125
3202A21	-....A-----	1107
MANC	-....GGA-C-----	1110
WEAU160	-....AAG-----	1116
SAL1	-....G-G-----	1104
CB1	-....AAA-----	747
CB2	-....AAG-----	726
CB3	-....A-----	744
CB4	-....AAG---T-----	753
CB5	-....AGG-----	732
CB6	-....AATGC-C-----	729
CB7	-....AAT---C-G-----	801
CB8	-....GTG-----	747
CB9	-....CAG-----	729

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	ccct??????AATaaaaca.....	ataaaaTtTgcacca...tccTCAGGaaGGggac	1054
93MW959.18	-----	-C-----CA-----A--T	1097
93MW960.3	T-----GT-T	-----G-----AA-----T	1067
93MW965.26	-----	-----G-----AA-----T	1094
92BR025.9	--T-----G	-----C-----A-T-A-----C-----	1088
UG268A2	-----	-----C-----A-----T-----G-----	1113
SM145A	-----	-----G-----A-----T-----T	1098
D757	-----	-----T-----G-----	754
D747	-----	-----G-----T-----	889
D760	-----	-----G-----	915
D1044	-----	-----G-----C-----	733
NOF	-----	-----GC-----AACT-----T	719
SH750	-----	-----GC-----A--A-----C-T-----T	759
DLU	-----GC-----	-----A-----CA-----TCCT	744
D1024	-----G-----	-----C-----T-----	1074
D744	-----	-----T-----G-----	756
D766	-----	-----GT-----G-----	729
D808	-----	-----T-----	777
D868	-----	-----C-----T-----	768
ZAM18A	-----	-----AC-A-----CA-----	1092
ZAM20A	-----GG--C-----	-----T-----A-----	1137
Z8A1	-----	-----A-----A-----C-----	290
DJ259A	-AGAACTGCA---T---	-----CA-----	1071
DJ373A	-----	-----	1086
SE364A	----GGTAAA---T--GC-----	-----A-----	1095
U0GOM	-----	-----C-----AA-----CA-----T	732
BOOYD	-----	-----G-----AA-----CA-----	741
CONSENSUS-D	t.....??aacaaaaca.....	acaaTaattTTtaaacCa...tcctCaGGAGGgGAC	1042
ELI	-.....-----	-T-----AG-----	1098
Z2Z6	-----	-----	1098
Z6	-----	-----	1104
NDK	-----	-----C-----G-----	1092
92UG021.16	-----C-----	-----G-----	1070
92UG046.8	C-----C-G-----	-----C-----CA-----G-----	1104
92UG024.2	-----CGG-----	-----GA-----	1097
92UG038.1	-----T-----	-----G-----G-----	990
43425	-----	-----GA-----A-----TA-----	987
JY1	-----C-G-----	-----C-----G-----A-----	1134
43424E	-----	-----TA-----	1044
TZ005	-----G-----	-----C-----	1074
TZ012	-----	-----GA-----G-----	1074
TZ023	-----	-----C-----C-A-----G-----	1092
TZ030	-----G-----	-----	1071
TZ053	-----G-----	-----	1083
TZ064	-----C-----	-----C-----C-A-----G-----	1110
TZ112	-----C-G-----	-----CA-----G-----	1077
UG23	-----C-T-----	-----A-----A-----	275
UG269A	-----G-----	-----CA-----G-----	1103
UG274A2	A.....-GGC-G-T-----	-----AT---C-----	1118
SE365A2	-----	-----G-----	1116
CAR4020	-----GT-----	-----A-----A-----C-----C-----CAT-----A-----	1191
CI132	-----G-----	-----CT-----G-----	294
93ZR001.3	-----AAT-TT-GT-GT-----	-----CA-----	1097
GP120AA	-----AACCG-G-C-----	-----	1046
CONSENSUS-E	T.....aatAATAAGaCA.....	ATAatcTTTcaaCCA???cccTCAGGAGGaGAT	1099
93TH966.8	-----	-----	1100
93TH975.15	-----	-----	1082
92TH011.5	-----C-----	-----	1040
92TH006.5	-----	-----C-----	1088
TN235	-----	-----	1116
TN239	-----	-----	1104
TN241	-----	-----A-----	985
TN242	-----	-----C-----	1101
TN243	-----	-----	1119
TN244	-----C-----	-----	1003
92TH022.4	-----	-----	1097
1643E	-----	-----G-----	786
93TH976.17	-----	-----	1103
CM240X	-----	-----T-----	1104
CARELO	-----	-----CA-----G-----T-----G-----	1125
CAR4017	-----	-----CAA-----A-----CCATA-----	1116
CAR4071	-----	-----G-T-----	1125
CARMBA	-----	-----	1089

CONSENSUS-F	c????...??AAatgcaaCa.....	....??aTAAaaTTTaactcA...tCctCAGGAGGGAC	1068
BRA7944	-CCT.....-	-----	1011
BZ163A	TCCT.....-	.....T-----	1095
BZ126A	-CCT.....-A-	-----	1100
RJI03	-.....TCT-----	.....C-----	735
93BR020.17	-.....CCT-----	-----	1100
93BR029.2	-.....CCT-----	-----	1103
CA20	-.....-CCTT--T	.....G--CC----TAG----AG-----	294
CA16	T.....-AT-T-----	CCA---TC--C-AC-----A-----	294
CA4	-.....CAC--AT--C	.....AAT----CC--G-C-----	300
VI354	T.....AAG--AA-----	.....C----AC----G-----	297
AR16	-.....CCT--A-----	ACA-----G-----	300
AR18	-.....CCT-----	-----	297
CONSENSUS-G	t?????????aAcAaaA?c.....	?????????ATAAccTtTaaCtCA...tCtgCAGGAGGgGAc	1071
LBV217	C.....-----G-----	.....CT-----	1125
RU511B	-.....-----G-----	.....A-----G-----A--T	987
RU570	-.....C----A-----	.....A-----C-----A--T	981
92RU131.9	-.....-C-CA-----	.....AAC--A-A-----G-----A--T	1097
47621	.....-A-C-AT-----	.....G-A-----C-----	984
47622	.....GATACTG-T---A-----	.....G-A-----C-----	990
92UG975.10	.....-G-A-----	.....ATAACGAAC--T-----	1112
CAR4067	-CGGGGGGAG---T-C-----	.....TTAGAAAAC-----C-----	1113
G3	-.....-----GT-----	.....C-----	342
G9	-....GGGATT--T--G-C-----	.....A-----	348
JP882	-....GGGGAT--T--G-C-----	.....G----G-----	348
JV832	-.....AAT--T--G-A-----	.....	345
CONSENSUS-H	?.....??AA?A?A?A??.....	??ATA??TT?AACCA...TCCTCAGGAGG?GAC	236
CA13	G.....-CA-G-GC-----	....AAA--CAA--TA-----A-----	303
VI557	T.....AAT--TC-A-CA-----	.....ATT--CG-----G-----	297
CONSENSUS-O	A.....aAc?AtAca?????aata?tgTtAccATgA?ATTCaatca?agcAg?GgtGgAGAT	1057	
ANT70	-.....-A-----GG--G-A--A-----C-----C-----C-----	1098	
MVP5180	-.....-C-A-----G-G-A-----A-T-----GCAGA-CT-----	1119	
VAU	-.....G-AT---AT...CAA-C-GA-----A-----GG-A-TCA-----A-----	1116	
VI1686	-.....-A-----AGTAAT--A-CA--A--A-----T-----A-----A-----A-----	315	
CA9	-.....-T-----T...TCA-----A-----C-----C-----C-----T-GCA--A-----	315	
CONSENSUS-U	t.....aatAAtagaaCA.....	??ATAA?cTTTaattcA???tcCTcAGGaGGgGAt	966
CAR4081	-.....GGG---C-----	....ACA--A-----G-AA-----A-----	1104
Z3	-.....-A-T-----	.....TA-----C-----	1086
GM4	-.....-T-----ATA--A-----GCAC--GCAAA--A-----G-----	654	
Z1A	G.....-GG-C-----	.....TT-----	290
CONSENSUS-A	t?????????aAcaaaaca.....	??????ataatcTTtgctaac...?cctcaGGaGGGAT	1040
AD_K124A2	-.....ATG---G-----	.....T--AAACCA...T----G-----C	1113
DA_MAL	-.....AAC--A-C--A-----	.....T--AA-TCA...T-----C	1110
AD_UG266A2	-.....AAC--G-C-----	.....T--AAACCA...T----G-----C	1095
CA_ZAM184	C.....CCT-----	.....G-----T-T-----C	1068
GX_VI525A2	-.....-T---AC-----	.....C-----AACTCA...T-----C	1134
BF_RJI01.5	-.....AAG--T---A-----	.....GC-----AACC-A...T-----C	793
EA_CAR4039	-.....-T--G-----	.....CAACGA...T-----A-----	1095
FB_93BR019.10	C.....CCT--TGC-----	.....AA----AACTCA...T-----C	1091
FB_AR15	C.....CCT--T--G-----	.....A----AACTCA...T-----	297
CD_DI2ACD	-.....-T--G-----	.....T--AAACCA...C----G-----C	1086
DA_TZ016	-.....GGG-----	.....A...T-TG-----	1074
CONSENSUS-CPZ	?.....AA??AAC?.....	??GC?AA?A?AA?A??A?????...??C??G??GGAGAT	564
CPZGAB	A.....-TCG---A.....	.....GCA--C--C-T--C-CTC-ACAGA...GO-TCT-GA-----	1098
CPZANT	C.....-CAA--C.....	.....AAT--G--A-C--T-TGG-CA.....TT-CAA-AT-----	1113

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	?TaGAAaTtacAAcAcAtAgtTTTAaTTGTggAgGagaattt..?TTcTAtTGcaataCAtCaggccTgT	1107
U455	A-----C-----C-----C-----	1165
SF1703	T-----T-----TG-----	1183
IBNG	G-----AAA-----	1156
Z321	G-----	1174
92RW020.5	A-----C-----T-----T-----	1128
92UG031.7	T-----G-----T-----	1161
92UG037.8	T-----T-----	1164
92RW009.14	T-----T-----T-----	1167
TZ017	C-----C-----CC-----	1116
D687	T-----A-----AA-----	821
K114	G-----	410
L414	T-----A-----A-----	380
P104	G-----A-----	360
PZ61	G-----AAA-----	360
UG06	T-----T-----T-----	413
CI211	C-----T-----C-----A-----	364
UG275A	A-----A-----A-----TG-C-----	1159
UG273A	T-----T-----G-----	1174
VI191A	T-G-----C-----G-----	1174
DJ264A	A-----G-AA-----	1150
DJ263A	A-----G-AA-----	1162
DJ258A	A-----A-----A-T-----	1156
KENYA	C-----C-----T-----T-----	1162
CARGAN	T-----	1183
CARSAS	G-----C-----	1177
CAR4054	A-----A-----G-----A---AT-----	1162
CAR286A	T-----G-----C-----G-----T-----.	1222
CAR4023	T-----G-----C-----C-----C-----G-----A-A-----	1216
CAR423A	A-----T-T-----C-----AA-----	1198
CI31	G-----G-----A-----AAA-----	367
CI473	G-----T-----AAA-----	367
CI451	G-----AAA-----	361
CI145	T-----G-GT-----AA-----	364
CI3291	T-----AA-----	367
CI3263	G-----AAA-----	373
CI201	T-----C-----ACA-----	364
CI3271	T-----C-----AT-----	367
CI422	T-----C-----AA-----	367
CI3301	A-----AC-----	361
CA1	T-----AAA--A-----	367
CONSENSUS-B	CcaGaaattgtaatgcacAgttTTAatTGTggaaGggaaTTt...TTcTacTGtaataCaacacaacTgT	1128
SF2	-----A-----G-----	1177
SF2B13	-----A-----G-----	1174
LAI	-----C-----T-----	1186
HXB2R	-----C-----T-----	1171
NY5CG	-----G-----G-----	1150
NL43	-----C-----T-----	1165
JRCSF	-----T-----	1159
JRFL	-----A-----T-----	1156
ALA1	-----CA-----T-----A-----	1159
JH32	-----C-----T-----	1201
BAL1	-----G-C-----T-----	1177
YU2	-----CA-----T-----	1156
BRVA	-----T-----	1165
91US005.11	-----C-----T-----A-----	1191
91US006.10	-----A-----G-----	1185
BZ167A	-----C-----A-----T-----	1198
MA208	-----C-----	1225
ETR	-----A-----G-T-T-----	1186
BA1A	-----G-C-----T-----	1177
MN	-----T-----C-----	1180
QZ4589	-----T-----	1180
CAM1	-----G-----	1168
ADA	-----T-----	1156
JFL	-----C-----T-----G-----	1156
SIMI84	-----C-----T-----A-G-----	1171
BCSG3C	-----T-----GT-----	1174
D31	-----C-----T-----G-----	1165
SF162	-----T-----G-T-----	1159
OYI	-----T-----	1180
SF33	-----A-----A-----	1168
CDC42	-----T-----G-----	1198
HAN	-----T-----A-----	1177

CONSENSUS-B	CcaGaaattgtaatgcacAgttTTAatTGTggaGgggaaTTt...TTcTacTGataCaacacaacTgT	1128
ENVVA	-----C-----	1183
RF	-----C-T-----	1204
WMJ22	-----C-----	1153
TB132	-----T---T-G-----Y-----A-----	1123
92BR020.4	-----T-T-----	1161
92TH014.12	-----G-----	1140
92US711.14	-----A-CA-----	1155
91US712.4	-----A-G-CT-T--TG-----	1167
92US714.1	-----G-----	1191
92US715.6	-----T---C-----	1173
92US716.6	-----G---T---C-----	1149
92HT593.1	-----C-----	1230
92HT594.10	-----T-----	1167
92HT596.4	-----T-A---C-----G-----T-----A-----	1170
92HT599.24	-----CA---C-----C-----C-----T-----A-----	1176
91HT651.11	-T-----A-----C-----A-----	1152
RJS	-----C-----	1171
GUN	-----C-----G-----	1064
SC	-----T-----	1165
SBA	-----A-----	408
SSB	-----CA---C-----C-----A-----A-----	411
SBC	-----A-----	408
92BR014.1	-----C-----A-----	1170
92TH026.6	-A---G-----A-----	1140
92BR021.6	-----C---C-----	1174
ACH9	-----C-----	1042
ACP1	-----A-----	1024
JM	-----G-----	1102
WM	-----T-----G-----	1069
CAN0A	-----C-----G-----T-----	373
P896	-----G-----	1171
BWB11A	-T-----	781
CI223	-----C-----G-----T-----T-----T-----	367
49L1R	-----C-T-----	853
VE1	-----CA-----A-----T-----	1057
VE2	-T-----A-----A-----	1075
VE3	-----G-----	1003
VE4	-T-----AC---C-----C-----	1117
VE5	-----A-----	1084
VE6	-----CT---C-----	1093
VE7	-----	1090
VE8	-----G-----	1084
68A	-----C-----	1162
RJSP3	-----G-----T-----T-----	863
US1	-----G-G-----	1174
US2	-----	1168
US3	-----G-----A-----T-----G-----	1159
US4	-----T-T-----	1222
8020	-----T---A---C-----G-----	1141
17305	-----C---C-----AA-----	1099
24612	-----T-----A-----	1087
26807	-T-GG-----T-T-----A-----T-----	1138
27290	-----G-----T-T-----	1099
27481	-----G-----T-----A-----	1081
4995	-----A-----	1093
CM237X	-----G-----	1040
91HT652.11	-----T-CT-----	1149
92UG005	-----AC---CA-----C-----G-----C-----T-GG-----	335
3202A12	-----G---T-----	1192
3202A21	-----	1174
MANC	-----CT---T-----	1177
WEAU160	-----	1183
SAL1	-----	1171
CB1	-----	814
CB2	-T-----CT-----C-----	793
CB3	-----G-----A-----T-----	811
CB4	--T-----	820
CB5	-----	799
CB6	-----C-----	796
CB7	-----A---CT-----	868
CB8	-----	814
CB9	-----	796

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	ctAGAAaTTACAAACAcAtAGcTTAATTGTaGAGGAGAATTT...TTCTatTGcaAtACatcAaaccTGT	1121
93MW959.18	-----T-----.	1164
93MW960.3	-----T-----.	1134
93MW965.26	-----T-----.	1161
92BR025.9	-----T-----.	1155
UG268A2	T-----.	1180
SM145A	-----.	1165
D757	-----.	821
D747	-----.	956
D760	-----T---T-----.	982
D1044	-----.	800
NOF	T----G-----.	786
SH750	-----.	826
DLU	-C-----C-----.	811
D1024	-----.	1141
D744	-----.	823
D766	-----.	796
D808	-----.	844
D868	-----.	835
ZAM18A	-----.	1159
ZAM20A	-----.	1204
Z8A1	-----T-----.	357
DJ259A	-----G-----.	1138
DJ373A	A-----G-----.	1153
SE364A	-----C-----.	1162
U0GOM	--G-----C-----.	799
BOOYD	-----G-----T-----.	808
CONSENSUS-D	ccAGAAaTtacAacaCACagttTAATTGTggAGGggaaTTt...TTCTaCTGcaAtaCATCaagacTgT	1109
ELI	-----C-----T-----.	1165
Z2Z6	-----C-----T-----.	1165
Z6	G-----C-----T-----.	1171
NDK	-----T-----TGC-----C-C-----T-----.	1159
92UG021.16	-----C-----.	1137
92UG046.8	-----CC-----.	1171
92UG024.2	-----C-----.	1164
92UG038.1	-----C-----C-----T-----.	1057
43425	-----C-----C-----T-----.	1054
JY1	-----C-----.	1201
43424E	-----T-----C-----T-----.	1111
TZ005	-----T-----.	1107
TZ012	-----.	1107
TZ023	-----C-----ATCC-----.	1131
TZ030	-----.	1104
TZ053	-----.	1116
TZ064	-----.	1148
TZ112	-----ATCC-----.	1116
UG23	-A-----C-----A-----A-----T-----A-----.	342
UG269A	-----G-----A-----C-----.	1170
UG274A2	-----C-----.	1185
SE365A2	-----G-----A-----.	1183
CAR4020	-T---G-----CA-----.	1258
CI132	-----T-----.	361
93ZR001.3	-----C-----.	1164
GP120AA	-----C-----T-----.	1113
CONSENSUS-E	CtagAAAtTAcAAAtgCAtcatTTAATTGtAgAGGgGAATTT...TTCTATTGCaATACAAcAcacTGT	1166
93TH966.8	-----.	1167
93TH975.15	-----A-----.	1149
92TH011.5	-----C-----.	1107
92TH006.5	-----T---C-----.	1155
TN235	-----A-----.	1183
TN239	-----.	1171
TN241	-----C-----.	1052
TN242	-----C-----.	1168
TN243	--G-----.	1186
TN244	-----A-----.	1070
92TH022.4	-----.	1164
1643E	-----.	853
93TH976.17	-----.	1170
CM240X	-----C-----.	1171
CARELO	-C-----A-----.	1192
CAR4017	-C-----C-----AT-----AT-----.	1183
CAR4071	-----C-----.	1192
CARMBA	-----AG-----.	1156

CONSENSUS-F	CtAGAAaTTACAAtgCATAgTTtAATTGtagaGGAgAaTTT...TTcTACTgcAAAtaCatcagaaCTGT	1135
BRA7944	-----G-----A-----	1078
BZ163A	-----G-----	1162
BZ126A	-----G-----	1167
RJI03	.....	802
93BR020.17	G-----A-----TG-----T-----GAT-----	1167
93BR029.2	.....G-----	1170
CA20	CA-----	361
CA16	-----G-----CA-----C-----C-----G-----T-----C-----AGTA-G-----	361
CA4	-C-----C-----A-----	367
VI354	-C-----G-----T-----	364
AR16	-C-----C-----	367
AR18	-C-----C-----T-----C-----	364
CONSENSUS-G	CTAGAAaTTAcaacAcATAGTTtAATTGtaGaGGAGAaTTt...TTCTATTGtAATACAtCAggacTgT	1138
LBV217	-----G-----	1192
RU511B	.....	1054
RU570	-----G-----	1048
92RU131.9	.....C-----	1164
47621	-----G-----T-----G-----C-----A-----	1051
47622	-TG-----G-----AA-----	1057
92UG975.10	-----G-----G-----AA---A-----	1179
CAR4067	-----G-----A-----G-----	1180
G3	.....T---	409
G9	-----C-----	415
JP882	-----C-----G-----	415
JV832	-G-----C-----G-----C-----	412
CONSENSUS-H	AT?GAAATT?AA??CA?A??TTAA?TGT??AGGAGAATT...TTCTATTG?AATACA?CAAAA?TGT	290
CA13	--A----T--CA--C-TG---C---GC-----T-----A----C---	370
VI557	--G----C-TG--T-CT---T---AG-----C-----T-----T---	364
CONSENSUS-O	gcaGAggtAAcccATtT?catTTAACTGtCAtGGaGAaTTC...TTTTATTGtAACACatcT?ggaTGT	1122
ANT70	CT-----A-C-----	1165
MVP5180	-----A----G-----A-----	1186
VAU	-----A----AA-----CTT-----	1183
VI686	C-----G-----C-C-G-----C-----C-----	382
CA9	-AC---AC---T---A-G-----G-----C-----AAA-----	382
CONSENSUS-U	aTAGAAaTTAcAACACAtAcTTTTAATGtgGAGGAGAaTTT...TTcTATTGcaAtACA?cAg?atTgT	1031
CAR4081	T-----C-----	1171
Z3	-----G-----C-----G-----C-----T-----AGC-----	1153
GM4	C-----T-----T-----T-----A-----AG---A-----	721
Z1A	-----G-----A-----G-----A-----G-----AA---A-----	357
CONSENSUS-A	?TaGAAaTtacAAcAcAtAgtTTTAaTTGTggAgGagaattt..TTcTAtTGcaataCAAtCaggccTgT	1106
AD_K124A2	CC-----C-C-----A-----G-----C-----AAA-----	1180
DA_MAL	CC-----C-----A-----G-----C-----T-----AAA-----	1177
AD_UG266A2	CC-----C-C-----G-----C-----A-----	1162
CA_ZAM184	C-----	1135
GX_VI525A2	C-----A-----T-----T-----G-----AG-----	1201
BF_RJI01.5	CC-----GT-----C-C-----G-----C-----T-----T-----A-----AA-----	860
EA_CAR4039	CC-----TG-T-----CC-----G-----A-----A-----A-----	1162
FB_93BR019.10	C-----TG-----A-----C-----A-----A-----	1158
FB_AR15	C-----TG-----A-----C-----C-----A-----	364
CD_DI2ACD	C-----C-C-----G-----C-----A-----A-----	1153
DA_TZ016	C-----G-C-----	1107
CONSENSUS-CPZ	CC?GA?GT?A?A??CAT??GTTAATTG??AGGAGAATT?...TT?TATTGT?ATA??A??C?????T	607
CPZGAB	--A--G--C-C-CAT---AT-----TGG-----T-----C-----A---CT-GC-AAATA-	1165
CPZANT	--T--A--A-A-GTG---TG-----CCA-----C-----T-----G-----TA-CA-CTTGG-	1180

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	Tt...AatagcactTGG?a?????????????????????	aat?gcact...???????	1130
U455	--.....T-----	G---GC.....	1188
SF1703	-----A---GGGGA.....	A-----GACAGCAT	1220
IBNG	-----G-TAATAGC.....	A-----	1188
Z321	-----G-----TTA.....	G-----	1200
92RW020.5	-C-----C---G-GTCA.....	CA---A.....	1157
92UG031.7	-----T-TC---TGGAA.....	G-----AA	1192
92UG037.8	-----T-A---ACACAT.....	GA---GCCAG	1198
92RW009.14	-----C---AGTAAAAGA.....	G---C.....	1199
D687	-----G-T.....	A-----	847
K114	-----GC--T---G-GAATACATCAGGCCTGTTT.....	CA-T-----	454
I414	-----G-----		394
P104	-----G---GC---TCA.....	AGA---A.....	386
PZ61	-----G---TCA.....	AAA---A.....	386
UG06	-----T-A---A-GATAGGCAGTCAGCCA.....	A---AG.....	454
CI211	-----	G-----GT	389
UG275A	-----A-TGGC.....	AC---GC.....AA	1190
UG273A	-----T---A-TAAA.....	GA---GC.....	1203
VI191A	-----G-A.....	G-----	1200
DJ264A	-----G-TAACAGCTTA.....	CA---A.....	1185
DJ263A	-----	A-----	1185
DJ258A	-----	A---GC.....TC	1181
KENYA	-----ACCAACATGCAGGAGTC.....	A---G.....	1203
CARGAN	-----G---A-GAATGAG.....	GA---AAAAGCAT	1223
CARSAS	-----AA---TGGGGCCA.....	A---C.....AC	1211
CAR4054	-----C---T-TAACATT.....	G-----	1194
CAR286A	-----G---ACTGACACT.....	CA-----	1254
CAR4023	-----T---A-A.....	GA-----	1242
CAR423A	-----A-A.....	G-----AC	1226
CI31	-----C---A-TAGC.....	GA-----	396
CI473	-----A-TAAC.....	GA-----	396
CI451	-----A-T.....	CAAT---C.....	387
CI145	-----G-T.....	AAT---C.....AT	392
CI3291	-----GCT.....	CAAT---GC.....	393
CI3263	-----T-----	GAT---GC.....	396
CI201	-----A-TGGC.....	GA-----	393
CI3271	-----G-GAGC.....	A-----	396
CI422	-----A-T.....	CATT---C.....AT	395
CI3301	-----T---A-TTGG.....	G-----	390
CA1	-----A-TAGC.....	AC-----	396
CONSENSUS-B	tt...aatagtacttgg?????????????????????????aatg?tact???????????		1150
SF2	-----A---A---AGGTTA.....	CAC-----	1206
SF2B13	-----AATCCA.....	AAC-----	1203
LAI	-----TTT.....	AG---TGG....AGTAC	1220
HXB2R	-----TTT.....	AG---TGG....AGTAC	1205
NY5CG	-----CTGTTT.....	AG---TGG.....	1182
NL43	-----TTT.....	AG---TGG....AGTAC	1199
JRCSF	-----	A-----	1182
JRFL	-----AAT.....	AA-----	1182
ALA1	-----	AG---GAAGGGCC	1190
JH32	-----C---TTGTCT.....	AG---TGGAATGATAC	1241
BAL1	-----	T-----	1200
YU2	-----	A-----	1173
BRVA	-----TATA GG.....	CAC---AGGA.....	1197
91US005.11	-----AATAAGTAT.....	AG-----	1223
91US006.10	-----CCTTTT.....	AG---TGG.....	1217
BZ167A	-----C---AATCTATCA.....	AC---GCA.....	1233
MA208	-----C---ACTTGGAAAT.....	G-----	1257
ETR	-----A...CACCTGTCT.....	G---TGGTGG.....	1221
BA1A	-----	T-----	1200
MN	-----AATGGT.....	AA---TGG.....	1212
QZ4589	-----AATGCTAATGGTAATGGG.....	G-----	1221
CAM1	-----C---CTGTTT.....	G---TGG.....	1200
ADA	-----AATTTT.....	G---TGG.....	1188
JFL	-----CTGTCC.....	G---TGG.....	1188
SIMI84	-----	A-----	1194
BCSG3C	-----GCTGGG.....	AA---TGG.....	1206
D31	-----	A-----	1188
SF162	-----	AA-----	1182
OYI	-----	A-----	1203
SF33	-----AATGAA.....	AG---TGG.....	1200
CDC42	-----CG-----	T-----AG	1223
HAN	-----	AA-----AG	1202

CONSENSUS-B	tt...aatagtaacttgg?????????????????????????aatg?tact???????????	1150
ENVVA	-----TATGCT.....A---GAA.....	1215
RF	-----AG-----	1227
WMJ22	-----G---GAC..ATTAA	1184
TB132	-----AGC-----	1146
92BR020.4	-----AAC-----	1187
92TH014.12	-----A-----	1163
92US711.14	-----AA-----	1187
91US712.4	-----TCA-A.....	1190
92US714.1	GAT-AA....AATACTTG	1231
92US715.6	-----G-----	1196
92US716.6	-----T--AA-A-	1172
92HT593.1	-----AG-----	1253
92HT594.10	-----A-----	1190
92HT596.4	-----A-----	1193
92HT599.24	-----G-GTT-A-	1199
91HT651.11	-----G-A-AGT-A.....	1184
RJS	-----ATGTCT.....AG---GGG.....	1203
GUN	-----G---TGG.....	1096
SC	-----G-----	1188
SBA	-----AG---TGG.....	440
SSB	-----G-AGC---TGG.....	443
SBC	-----AA---TGG.....	440
92BR014.1	-----G---TGG.....	1202
92TH026.6	-----G---TGG.....	1172
92BR021.6	-----CC-----	1215
ACH9	-----T-----	1065
ACP1	A-----TCGGAT.....AG---TGG.....	1056
JM	-----G-----CAACTAATAAAAGTGTGGTAATTGG.....TCA---AGTAGTATTG	1163
WM	-----G-----AATGG	1097
CAN0A	-----A-----	396
P896	-----T-----	1194
BWB11A	-----AA---GGAGAGTTAA	815
CI223	-----G-----AA	398
49L1R	-----C-----AATGTTAATGGT.....ACTTGG.....G-----	894
VE1	-----C-----TATGCTAATGGTACTAGT.....ACTTGG.....A---AGTACTAAC	1113
VE2	-----AGTACAACACAACACTGTT.....AA---GGG.....	1119
VE3	-----G-----AA---GAA.....	1029
VE4	-----C-----CATAGTAATAACTTGG.....G---GAA.....	1161
VE5	-----GATATT.....AA---TGGACT.....	1119
VE6	-----GATACAACACAATTGGCT.....AG---TGG.....	1137
VE7	-----TGATACTGTAC.GATCAAT	1123
VE8	-----C-----AG---GGG...GAAGA	1115
68A	-----G-----G---GAAGAGATTGT	1196
RJSP3	-----G---ACT.....AG-G-AGGACTGGC..	898
US1	-----G-----GAAGAG.....	1203
US2	-----GGGGCT.....A-----	1197
US3	-----GTTAACATCAT.....G---TGG.....	1194
US4	-----C-----AT---GAA.....	1248
8020	-----G-----AATGTT.....ACTGAAAGGCCT--AA-GT-----	1182
17305	-----A-----AACGGTACTGATTGGACA.....TATAATGGTCA--AGC-----	1152
24612	-----	1101
26807	-----GGAGTG-----A---GAA.....	1170
27290	-----AAAATG-----A---GGG.....	1131
27481	-----AG---GGG.....	1107
4995	-----GAG.....AATGGT--AAC---GTA.....	1128
CM237X	-----A-----AGTAC	1068
91HT652.11	-----A-----TTT---AG---GAG..AATAA	1183
92UG005	-----GAA---GGGAAA.....AA---A.....	364
3202A12	-----G-----G---GAA.....	1218
3202A21	-----A-----	1197
MANC	-----AATACTGGG-----A---AGA.....	1212
WEAU160	-----CATGCT-----G-----	1212
SAL1	-----AATGCTACTGAAGAGCCACAATACGCTGGAGAA-----AC--A.....	1227
CB1	-----C-----	828
CB2	-----GC---TGGCTT.....A---CTGG.....	825
CB3	-----CCTGTTAACATGAG.....ACTTCG-----T---GAA.....	855
CB4	-----A-----GCTGTT-----A---TGG.....	852
CB5	-----AAAGCT-----AG---TGG.....	831
CB6	-----AACAGCACT.....AAAGGGTCA--AGC---GAA.....	840
CB7	-----C-----AATAGTACACAACACTGTT.....AATAGTACCTGG-----AG---GAA.....	924
CB8	-----CCTGG-----AG---GAA.....	846
CB9	-----GATAATAGT.....ACTTGG-----AG---GAA.....	837

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	Tt...aatagtagatac????????????a??cct???.	???aatggtaaaaa???????	1151
93MW959.18	-----AC-TT.....	-----A---G--GGT.....	1193
93MW960.3	-----C-----AT-----	-----GT--GT.....	1169
93MW965.26	-----CATCA-ACCTG.....TT-----	-----C--AC-ATCT--CA.....	1193
92BR025.9	-----CA-----	-----A----G-----	1187
UG268A2	-----GTG-TAATAAT.....	-----A----C-----	1209
SM145A	-----AT-----	-----AAC--GG-GTGAGTC	1205
D757	-----TG-----	-----A--GGT.....	856
D747	-----G-----TG-----	-----A--GT.....	991
D760	-C-----G-----TG-----	-----A--GT.....	1017
D1044	-----AATAGTACATAC-TG-T-----	-----AC--GT.....	847
NOF	-----TC-GCA.....	-----C-CA--A--TTT.....	809
SH750	-----A-GCCTGATTGATGATATAGACATG.....	-----	867
DLU	-----T-----GAT-----	-----CAT.....	840
D1024	-----TG-----	-----A--GT.....	1176
D744	-----G-----TG-----	-----T-T-TGTTAA	863
D766	-----G-----TG-A-----	-----A--GT.....	831
D808	-----G-----TG-----	-----A--GT.....	879
D868	-----G-----TG-----	-----A--GT.....	867
ZAM18A	-----T-----AG-----	-----A-----	1188
ZAM20A	-----AT--C--TTAGGC.....TTGTT-----	-----G-----	1242
Z8A1	-----C-GG.....	GAC-----ATC-CA-GGACACC..	392
DJ259A	-----	-----CAG-GTATC-CA.....	1158
DJ373A	-----GA-T-ATTACAAAT.....GCA-CATT.....	-----AA-T-GAGT-CA.....	1197
SE364A	-----G-----ACACATACT.....	GCAAA-T-----	1191
U0GOM	-----AATAGTACATAC-AT-----	-----	831
BOOYD	-----AA-GTGCAACCATCATTTATGGAAG-----	-----	840
CONSENSUS-D	TT...AAtagtagatgg????????????????????????????????aata?tac?????????????	1130	
ELI	-----	-----T--GT.....	1188
Z2Z6	-----	-----G--T-GTAAATCA.....	1194
Z6	-----	-----T-ATAATTCA.....	1200
NDK	-----	-----CAG--T.....	1182
92UG021.16	-----C-AC-GTGTATGGACATCA.....	-----G--G.....	1169
92UG046.8	-----G--T-AT-----	-----CAT-AGGT.....	1197
92UG024.2	-----CA-GTGT-----	-----GGGGAGAAT-----C-CTA.....	1196
92UG038.1	-----GGGAGT.....	-----GA--ATCA.....	1089
43425	-----G-----	-----G--ATGG.....	1080
JY1	-----	-----G- GT.....	1224
43424E	-----A-----CATGATAATAATACATGGAATGC-GA-----GTACATGG.....	1161	
UG23	-----	-----G--ATCA.....	368
UG269A	-----GA-GT-AT-----	-----CAT-AGCATTAAATAG	1204
UG274A2	-----A-GTG-ATGGGAAAATTAT.....	-----TAT-A-----	1220
SE365A2	-----AAAACA.....	-----ATCAGGT.....	1212
CAR4020	-----CA-A-----	-----GA--AACAGGAGAAAT	1292
C1132	-----AGTATAGAGAGT.....	-----T-AGAGTCA.....	402
93ZR001.3	-----TAT--ATAGGTAAATAGTAGTGCAACAAAGTAGTACAACAAAT-G--CAGGGGT.....	1223	
GP120AA	-----	-----TA-T.....	1136
CONSENSUS-E	Tt...AaTaaActtgcatagga???.	.AAATgaaACcatg.....	1198
93TH966.8	-C-----T-----	-----A.....	1199
93TH975.15	-----G-----G-----	-----G-----	1181
92TH011.5	-----	-----	1139
92TH006.5	-----GGA--CATGGAG--GCCT.....	-----A-C--GGA-----	1190
TN235	-----A-----	-----G-----	1215
TN239	-----G-----	-----	1203
TN241	-----G-----	-----	1084
TN242	-----	-----	1200
TN243	-----	-----	1218
TN244	-----C-----	-----G----A.....	1102
92TH022.4	-----G-----AA-----	-----	1196
1643E	-----AA-----	-----	885
93TH976.17	-----GA-----GGG-A-----	-----GA.....	1202
CM240X	-----C-----	-----	1203
CARELO	-----G-----GGA-AT-----	-----A-----	1224
CAR4017	-----G-----G-G-AT-----	-----	1215
CAR4071	-----T-GCAC-----	-----G---CA.....	1218
CARMBA	-----G-----GGA-ATG-----	-----A-----A.....	1188

CONSENSUS-F	tt...aat?acaca???	t?????????????????	.....aat?acact?????????	1154
BRA7944	--....-G---	-CG-----	.....GG-----	1088
BZ163A	--....-G-----	GGA-CC.....	.....GG-----	1188
BZ126A	--....-G-----	GGA-CC.....	.....GG-----	1193
RJI03	--....-	.....	.....G---A.....	813
93BR020.17	--....-G-----	.....	.....ATT--A.....	1187
93BR029.2	--....-G-----	.....	.....	1181
CA20	--....-A-----	GCTTG-TG.....	.....A---AAAAAAAAGAA.	397
CA16	--....-CAC-----	AGTTATC-GATGTTG.....	.....A---GCC.....	395
CA4	--....-A-----	TGGAAAAAAACTAAC.....	.....A---	399
VI354	--....-G-T--	TGAGAATAAG.....	.....CA-TGA-.....	393
AR16	--....-A-----	CTG-TAGATGACACAGCATT.....	.....GG-----	408
AR18	--....-	.....	.....G---A.....	375
CONSENSUS-G	Tt???	AAataatag?t?????????	.....aataatactac?????????	1161
LBV217	--....-G---	A-ATTATCT.....	.....C---A-G-ACCATCT..	1230
RU511B	--....-	AAG.....	.....CT-C--T.....	1080
RU570	--AGG-----	AAG.....	.....GG-G-CC-C--T.....	1077
92RU131.9	--....-	GAG.....	.....CT-C--TATC.....	1193
47621	--....-	.....	.....GAGAAT..	1074
47622	--....-A-----	TAGAAC-GTCT.....	.....G---TGATAGTGC	1094
92UG975.10	--....-G-----	A-AGGTAGTGGG.....	.....	1202
CAR4067	-C-----G-	.....	.....GC---AGACTACAAA	1208
G3	--....-G-----	ATCAGGAGGG.....	.....G---C.....	435
G9	--....-T-----	T-TATT.....	.....	441
JP882	--....-T-----	T-TAGT.....	.....	441
JV832	--....-	A-A-TAGTAATATT.....	.....GAG-T.....	447
CONSENSUS-H	TT...AA?	AGTAC?TGG?????????	.....AA??G?A??T?????????	307
CA13	--....-T-----	C-ACGACTAACACC.....	.....TG-C-GC-ATGTGAGC..	414
VI557	--....-C-----	T-GTT.....	.....CA-T-CA-CA.....	393
CONSENSUS-O	TT...AAtt	ATAccTTTcatgt?????????	.....AAt?gtAcca??t???????	1152
ANT70	--....-	.....	.....CG-A---CC-GT.....	1200
MVP5180	--....-C-----	T-ATC.....	.....CT---A-AG-CCGGATG	1223
VAU	--....-C-----	C-CAAGAAGAATATGACCAATAACAAGATC	.....T---T.....	1239
VI1686	--....-	G-AGTGGAACCGAGCTGT.....	.....A---G-.....	426
CA9	--....-	GA-----	.....AAC---CC-GT.....	417
CONSENSUS-U	TT...Aa	Tagta?ttgg?????	.....aat??cact?ggat???	1056
CAR4081	--....-C-G---	AAAGGA.....	.....GTA-G-G-C-.....	1206
Z3	--....-C-G---T-----	.....	.....GGT---T-----.	1182
GM4	--....-	.....	.....	726
Z1A	--....-	CC---GAC.....	.....AT---CAA---CACC..	392
CONSENSUS-A	Tt...Aa	tagcactTGG?a?????????	.....aatagcact...???????	1130
AD_K124A2	--....-	TGTA---GGA.....	.....TCA-G-----	1206
DA_MAL	--....-	T---A---C-G.....	.....ATGG-GCAAGACTAAC	1214
AD_UG266A2	--....-	AT-G-GTATGGAGG.....	.....GATTA-CCATCA.....	1197
CA_ZAM184	--....-	T---A-ACA-TCCT.....	.....T-A.....	1164
GX_VI525A2	--....-	T---TTGTTT.....	.....T---GGGCTGGTTAA	1241
BF_RJI01.5	--....-GG-T-----	.....	.....ATGG-ACT.....	886
EA_CAR4039	--....-T-----	GGAACA.....	.....GAA-CATA.....	1194
FB_93BR019.10	--....-GA--	AGAATTAGGACAGTTT.....	.....GA---A.....	1193
FB_AR15	--....-AT.....	AACATAAACCCC.....	.....A---	393
CD_DI2ACD	--....-	.....	.....	1155
CONSENSUS-CPZ	T?...A?	TG?C?????????????	.....??CAT?ACA.....	618
CPZGAB	-T...-C--A-----	.....	.....AA---T-----	1182
CPZANT	-C...-A--C-ACATACACGGAAAC.....	.....	.....CT---C-----	1212

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	?????????ca...??????aat?acac?????????????....??????gagtcaaatgacactATA	1157
U455	.....ATGT--.....G---TG.....-G-C-----G-----	1221
SF1703	ACAGGAGT--.....AG---A.....	1257
IBNG	....GCC.....--CC---A.....-G-----	1218
Z321	.....T-T.....-A---TTGGAAAATTGAC.....AC-GT-----	1242
92RW020.5	.....GAGT--.....CA---A.....AC-----	1190
92UG031.7	CAATATGC--.....AG---G.....-A---G-----	1229
92UG037.8	CATGAAAC--.....G---T.....	1220
92RW009.14	.TGGCAGT--.....GG---A.....G-ATTA-A-----	1229
D687	....TGGGAT.....CA---T.....G-----A-----	877
K114	....TGGAT.....G-AG---A.....G-G-A-----	481
L414	....AGATAT.....G---TGGCAGCTCAAAT.....GAAACAA-T-----G-----	445
P104	....AGCT--.....GC---AGGGTCA.....A-TGAC---CACT--G---	425
PZ61	....GC---AGGGTCA.....A-TGAC---CACT--G---	419
UG06	.....	472
CI211	CGGC.....--GT--GCAGGCAG.....-G-A...-A-----	423
UG275A	GCAGGAG.....TCAAGT-GCAC.....-----G-A-----	1227
UG273A	.ATAAAGT--.....G---A.....A-----T-----	1239
VI191A	.CAGGTGG--.....G---G.....-GA-----	1236
DJ264A	....GAGT--.....C---A.....G-A---A-----	1212
DJ263A	.TGGGAT--.....CAG-T-AAATCACATAGAG.....TCAAATC-CA-G-A-G-A-----	1236
DJ258A	AATTCAACA--.....T---GCTCA.....A-TGAC-CA-----A-----	1221
KENYA	.....	1221
CARGAN	GAAGGGGTT--.....-----A-GT-----	1245
CARSAS	CAAC.....--C-G---C.....ATTGGC-----	1242
CAR4054	.GGG.....--A---TCAG.....-AA-----G-----	1227
CAR286A	.....CAG---GTAGG.....ACTGGGA-TGAC-C---TC-----	1290
CAR4023	GGCAACAT- ACTGGC-CATA-TGGC.....TGGGAGA-T-TC-----GC-----	1293
CAR423A	TGAAGAA.....--G---G.....-----G-G---C-----	1260
CI31	.GCCAGAT--.....A-T---A.....A-----	432
CI473	.GCCAGCT--.....A---GTA.....-----T-A-----	432
CI451	.....GC---GC.....TCA-----G-----	417
CI145	TACCAGCG--.....CC---A.....-----AG-----	429
CI3291	.AATAGCT--.....G---A.....A-----	429
CI3263	....ACTTTG.....AC---GTAGCAGTGTCAAGC.....TCA-----C-----	444
CI201	.GCCAGCT--.....T---A.....-GA-----T-----	429
CI3271	.GCCAGCT--.....CC---A.....-A-----	432
CI422	TGCCAGCT--.....G---G.....-G-----GT-A-----	432
CI3301	.GCCATCA-G.....CAG---CTTAG-TGAC.....ACG---T---AGT-----	435
CA1	.GTCAGCC--.....G---A.....	432
CONSENSUS-B	????????????????aataa?act????????????????????????????a?ga?actatc	1167
SF2	....GAAGGA.....-----AAA.....GGAA-T---C---A-----	1233
SF2B13	....GAAGGA.....-----C-----CC-A-----	1227
LAI	TGAAGGGTCA.....--C---GAA.....GGAAGT--C---A-----	1257
HXB2R	TGAAGGGTCA.....--C---GAA.....GGAAGT--C---A-----	1242
NY5CG	.....--G-T---GAA.....AGGTAGATAACA-T---A-----	1218
NL43	TGAAGGGTCA.....--C---GAA.....GGAAGT--C---A-----	1236
JRCSF	.GAAAAGTCA.....-G-GGC---GAA.....GGAA-T---C---C-----	1218
JRFL	.GAAGGGTCA.....--C---GAA.....GGAA-T.....-----	1215
ALA1	TAAAGGGTCA.....--C---GAA.....GAA.....-A-----	1221
JH32	TGAAGGGTCA.....--C---AGGA.....GGAA-T---C---A-----	1278
BAL1	.GAAGAGTCA.....--C---GTA.....GAAA-TA-C---A-----	1236
YU2	.AGAAAGTTA.....--C---GGA.....AGA-A-----	1203
BRVA	.....--TC---GAA.....GGAA-TAGCC-A-----	1224
91US005.11	.....AAT---CT---TAT.....GCTAACGGG...-A-A-----	1256
91US006.10	.....--G-T---AAC.....ACTGAAGGAA-TA-C---A-----	1250
BZ167A	.....GGA---G-C---GCA.....GGAA-T---C---AC-----	1263
MA208	.GGAGAGTCA.....AAT---GTT---GGA.....ACTGAAGGAA-TAGC---A-----	1302
ETR	.....--GGT---GGG.....CCA...-A-A-----	1245
BA1A	.GAAGAGTCA.....--C---GTA.....GAAA-TA-C---A-----	1236
MN	.....AAT---CT---AGGG.....TCAA-TA-C-----	1242
QZ4589	.GGAGGATCA.....-----AATGACA-T---C-----	1248
CAM1	.....--G-T---GAA.....GGGTTAAATAACACT...G-AAGA-A---T	1239
ADA	.....--TTA---ACAATCG.....AATGGTACTGAAGGAA-T---C-----	1230
JFL	.....--G-T---GAA.....GAGTCAAAAGACACT...AGA---AC-----	1227
SIMI84	.....AGTACTTTGG.....G-T.....ACAGGATCAAAT...A-A-GA-A-----	1236
BCSG3C	.....--GT-G-GCT.....GAAAGGTCAGATGACACTGG...-GA-A-----	1248
D31	.....AAAGAGTCA.....--C---A.....A-T-GA-----	1218
SF162	.....ATAGGGCCA.....--C-----A-T-GA-----	1212
OYI	.....ACAAGGGCA.....--GC-----G-A-TA-----	1233
SF33	.....--GCT-----GGAA-T---C-----	1224
CDC42	TAATGGTACTTGCG.....-G-GTT---AGA.....AAGCAAAAGACACTGG...A--C-T-----	1275
HAN	TACTTGGAAATGAT.....-----AATGGAA-T---C-----	1233

CONSENSUS-B	????????????????aataa?act????????????????a?ga?actatc	1167
ENVVA	.....GGGTCA.....-G-C----..A-A-CA-A---	1242
RF	.....GAAGGGTCA.....-C---GGA.....GGAA-T--C-A---	1263
WMJ22	AGGAGATAATAAA.....-GC--A.....CTC---	1212
TB132	.....GAAGGAAAT.....G-CG-TGGAGAG.....G-AAGA-A---	1179
92BR020.4	.....GAAGGGACAAT.....-C-CT--A.....GGGA-T--C-A---	1223
92TH014.12	.....AGTACTTGG.....AAT---T--A.....GGAA-T-GC----	1199
92US711.14	.....GGGAAGAGT.....-GT---GCA.....GA-AC---	1217
91US712.4	.....CAATTGGTT.....-G-T---GGA.....-GA-A---	1220
92US714.1	.....GAATATGACAAAAGGGTTA.....GC--AGAT.....AACACTACA-TC---	1280
92US715.6	.....GAGTCAAAT.....-C-CAGGAGAT.....-CC-A---	1226
92US716.6	.....GGGACAAAT.....-GC-CTGAAGGA.....AATA-CACA-TA---	1208
92HT593.1	.....GAAGAGTCA.....-GC---GAA.....G-A-GC--A---	1286
92HT594.10	.....AAAAGGTCA.....-C-T-GAC.....-GA-----	1217
92HT596.4	.....AAAAGGTCA.....-G-G-C-T-GAC.....-GA-T---	1223
92HT599.24	.....AGCACTTGG.....-GGT---GAAGGGTTAGATGAAACAAATAATGGCACTGGA-GA-AC---	1259
91HT651.11	.....-AT-C-A-GAA.....AGCA-TATC--AC--	1211
RJS	.....-G-T--.....ACAGGGTTA-A---	1227
GUN	.....-T--AAA.....AGGTCAA-T-T-----	1126
SC	.....GAAGGGTCA.....C.....GGAGGAA-T--C-A---	1224
SBA	.....-GGT-----	470
SSB	.....-GTT...GAAAGGTCAAGT.....AAAGCTGAAGAA-T--T-TAC--	485
SBC	.....-GGT-----.....GGAGGA--A-A---	464
92BR014.1	.....ACTGGGTCA.....-C-A.....-A-A-A---	1229
92TH026.6	.....-GGT-----.....ACAGGAT-TAGC-----	1199
92BR021.6	.....GATCAGCCA.....-C-A-----	1239
ACH9	.....GAAGAGACA.....-GC-A-GAAGGAGAT.....AGCACCATAGGAA-T--C-C--T	1116
ACP1	.....-G-T--.....GGAGGA--T-AC--	1080
JM	.....-C-----.....GAAGGAAATATCACA-GAGA----	1197
WM	.....TACTGAAGGGTCA.....-C-----.....GGA--CT-G--	1131
CAN0A	.....GAAGGTGTCA.....-C-----.....AGAGGAA-T--C-A--	432
P896	.....GGAGGGACA.....-GGC-----.....GAAGGAA-T--C-TA--	1230
BWB11A	.....TAACATTGAAGGA.....-C-----.....GGAA-A-A--T	849
CI223	.....TAACATTGAAAGA.....-G-C--A.....C--	423
49L1R	.....GAAGGA.....GCAA-TGAA-C-	912
VE1	.....GGGTCA.....GCTGGA-GA-A--	1134
VE2	.....-.....AATAGTACCA-C-GG--A--	1140
VE3	.....GGGTCA.....-AG-C--G.....GGAGAAG-T-CT-AC--	1062
VE4	.....GGGTCA.....-GC-----.....G-AAGA-T---	1188
VE5	.....GGGTCA.....-C-A.....GGA--A-A--	1146
VE6	.....-GT---GAAGGCTCA.....AATAAAACTA-C--C-G--	1176
VE7	.....TTACACTGAAGAC.....-GC-A.....CTCATCATG-A--A-A--	1166
VE8	.....TGCTATAGGGCA.....-GCC-A-----.....GGA--A-A--	1149
68A	.....TACTGAAAGGTCA.....-GA-AGGAGAA.....-A-T--C--AC--	1236
RJSP3	.....AGAGTC--ATGC-----.....-A-A-C--	922
US1	.....TTTG---GT---TTG.....AGTGATGCT--A-AC--	1236
US2	.....TGG-C-G-GT-AAA.....TAACA-T--A--A--	1227
US3	.....-GT---TGGAGTAGTAATAATAACT.....GATAACAA-T-GA--	1242
US4	.....GAGGTA-----G--AAA.....GAAA-T--C-----	1281
8020	.....-C-GGA-TG.....CAAA-A--A-A--	1206
17305	.....-.....G-AA-A-A--	1164
24612	.....GGAGTG---GGT---GTAGAA.....GAAGGAA-T--C-AC--	1140
26807	.....GAGTTA-----A-----.....-C-A--	1194
27290	.....GGAGTG---G-T---GAAGGGTTACAA.....GGAA-T--A-A--	1173
27481	.....GAAATG---GT---GAAGAGTCAAAA.....GAAA-T--C-A--	1149
4995	.....AAT-----C---GAAATT.....-.....	1149
CM237X	.....TGG---G-T-----.....ACAGGAA-TAGC-----	1099
91HT652.11	.....TGGGTCT.....TGG---TT---GAAGGAAAT.....AACACTGTTA-C--G--	1229
92UG005	.....TCA-----GT---AGGGAATAATGAA.....-.....	394
3202A12	.....GGA-----C---GAAGGA.....-A-TAGC--A--	1248
3202A21	.....GGG---GTT---GAAAGG.....TCAAATAACA-T--A-A--	1236
MANC	.....GAGTCA-----G-C---AAATAACT.....-GA-A--	1245
WEAU160	.....TGG---G-T---GAAGGGCAGAT.....A-C-A--	1245
SAL1	.....-.....	1230
CB1	.....-G-T---AAAGGACCAAGT.....AACACTACA-GA-A--	867
CB2	.....-GTGA-ATA.....-G-A--C-	846
CB3	.....-.....GGGTCA--AC--	870
CB4	.....-T---CGCAGGGATTGAA.....A-A-A--	882
CB5	.....-GCT---AAAGAGTCAAAT.....-T-----	861
CB6	.....GGGTCA-----GC-----.....-AC-----	864
CB7	.....GGATCA--C--C---GACATA.....-.....	948
CB8	.....GGA-----C---GTAGGA.....AAT--GT-----	876
CB9	.....GAGTTA-----GC---GTAGGA.....-A-----	864

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	?????????????????...aat??a?????.....?????????????????caa?cATc	1162
93MW959.18	.....---TCA-CT..	1211
93MW960.3	.....---GAT-CAGAA	1196
93MW965.26	.....---ACT-CA..	1208
92BR025.9	.....---CATT-CTGGA	1217
UG268A2	.....	1215
SM145A	AAAC.....	1218
D757	.....---TCA.....	874
D747	.....---TCA-GC..	1009
D760	.....---TTA-AC..	1035
D1044	.....---TCA-CC..	865
NOF	.....---GAA-GT..	836
SH750	.....	870
DLU	.....	867
D1024	.....---TCA-AC..	1194
D744	TGGTACATACTATGTTT.....---AGT-CA..	903
D766	.....---TCA-GC..	849
D808	.....---TCA-GC..	897
D868	.....---TCA-GC..	885
ZAM18A	.....---AGT-CA..	1218
ZAM20A	.....---AATTCA..	1263
Z8A1	.....---GGC-GCTTT	422
DJ259A	.....	1170
DJ373A	.....	1209
SE364A	.....	1197
U0GOM	.....---GGT-CA..	864
BOOYD	.....GTCCAA-CA..	867
CONSENSUS-D	?....?????????...aata?taca???. .????????????????????a???acaatc	1145
ELI	.....GCATGGAAT.....---T----..	1236
Z2Z6	.....GAATGGGCT.....---G--.	1233
Z6	.....GAAGGGGCT.....---G----.	1239
NDK	.....---G-----.	1212
92UG021.16	.....	1190
92UG046.8	.....---G-----.	1224
92UG024.2	.....TCAATTAGC.....---CGGGGT..	1226
92UG038.1	.....---G-----.	1113
43425	.....---T-G-AAT..	1125
JY1	.....ACATGGAAT.....---GA-----.	1263
43424E	.....AATGATAGT.....---A---ACA..	1191
UG23	.....---G-----.	398
UG269A	T.....ACACAGGGA.....---GAG-GT..	1232
UG274A2	.....---G-----.	1247
SE365A2	.....	1221
CAR4020	G.....TCAGAACAG.....---C-A--ATACA..	1329
C1132	.....	417
93ZR001.3	.....---C-TA---.	1232
GP120AA	.....GATACATTA.....---G-----.	1175
CONSENSUS-E	.....gaggggtgt.....aatggcact..	1219
93TH966.8	.....---G-----.	1220
93TH975.15	.....---C---.	1211
92TH011.5	.....A-----.	1160
92TH006.5	.....---G-CCTAA.....---CACT..	1211
TN235	.....---G-----.	1236
TN239	.....	1224
TN241	.....A-----.	1105
TN242	.....---A-----.	1221
TN243	.....A-T-----.	1239
TN244	.....---A-----.	1123
92TH022.4	.....C-----.	1217
1643E	.....	906
93TH976.17	.....---C-----.	1217
CM240X	.....C-----.	1224
CARELO	.....A---.---C-----.	1254
CAR4017	.....AAA-GT-----A..	1248
CAR4071	.....	1230
CARMBA	.....---A-CT-----.	1209

CONSENSUS-F	.....?????????????????.....????????????actatc	1160
BZ163A	.....GTATCCAATGAC-----	1191
BZ126A	.....GACACAGAATTCAATGAC-----	1196
RJI03	.....GTAGACAATAAC-----	831
93BR020.17	.....GACACAGAATTCAATGAC-----	1211
93BR029.2	.....GTAGACAATAAC-----	1199
CA20	.....AATATCACT..	406
CA16	.....ACT-AC--	404
CA4	.....	402
VI354	.....GCTGAAAACAAG-----	411
AR16	.....T	411
AR18	.....ATAGACAATGGC-----T	393
CONSENSUS-G	?????????????...??aat??ac?????????.....????????????atc	1169
LBV217	.....---AGC-GT.....AAGAAT---	1248
RU511B	.....	1083
RU570	.....	1080
92RU131.9	.....GAGAAT...AACTCCACT---	1211
47621	.....GAG---GAC--T	1089
47622	.....GAG---GGC--T..	1110
92UG975.10	.....CATC--A..	1211
CAR4067	.....TGATACTAACAGACA.....GAT--T..	1233
G3	.....	441
G9	.....ACAT-AAATAGTAAT.....AATAATGAGAGTGAGACT---	480
JP882	.....AAT--AGAGACTAGT.....GAGAATGGGATT.....	474
JV832	.....	450
CONSENSUS-H	.AAT?A?A????A.....AATGG?AC?.....?????ATT	323
CA13	....-A-C-CAGA-----T--T..	438
VI557	....-G-T-TCTC-----C-A.....ACAATA--	423
CONSENSUS-O	??????????aa??a?cAATgt?ActaAt?at???.a??aatGgcACT?a?	1180
ANT70	....AGTGTAGT.....T-G-C-AGG-----AC-----	1236
MVP5180	CCAGGAGATCA---GGG-G---AG-C-----AA-----T-----	1266
VAU	.....-A-T-GC---A-----GC-----C-G	1269
VI686	.....C--AAT-A---CC---C-CA-----A---C-G	459
CA9	.....C--GGT-A---A-C-----G--AAT.....G-C	453
CONSENSUS-U	.....?????...??aatggact?????.....?????????????????att	1068
CAR4081	.....GAGTC.....---A----..	1224
Z3	.....AAG---T----AGCACT.....GAGAGTAATTGCACTGGAAAT--	1224
GM4	.....	726
Z1A	.....GCTTT.....GAGACAAC TGATACT--	422
CONSENSUS-A	????????ca...?????aat?acac?????????????.....?????gagtcaa atgacactATA	1157
AD_K124A2	.....---GTG--AAAGGTAAAT.....GGGACAA--GT---A--G--A--C	1248
DA_MAL	T.....---AG--A..	1242
AD_UG266A2	.....---AGT--A.....GGA-TAAATG-GAG-GTA--C	1227
CA_ZAM184	.....GAAAGTAATTCA.....--C-T--C--C	1188
GX_VI525A2	TAGTACTTGG.....G-T--ACGA.....A-AGA--T	1272
BF_RJI01.5	.....TGG---GGT--T..	916
EA_CAR4039	.....GAGTCT.....GT--A.....ACCCAAGA-A--C	1224
FB_93BR019.10	.....AAATTC---G---A.....GGATTCAAT-----C	1229
FB_AR15	.....	396
CD_DI2ACD	.....A-T-ATGGTACAAAT.....TCA--A--C	1182
CONSENSUS-CPZ	.....AA?GG????T?	623
CPZGAB	.....T--CATTA-A	1194
CPZANT	.....C--AGCCC-C	1224

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	act.....ctccaa...TGcAgaATA...AagcaaATTgTaaatATg...TGgCAgagagtaGgacaA.	1211
U455	----.....-----T-----A-----.	1275
SF1703	-T-----C-----A-----.	1311
IBNG	-----.	1272
Z321	-T-----C-----.	1296
92RW020.5	-----TAC-----A-----A-----.	1244
92UG031.7	-----C-----A-----A-----.	1283
92UG037.8	--A-----C-----A-----.	1274
92RW009.14	--A-----C-----A-----T---GAC-----.	1283
D687	-----A-----.	931
K114	--A-----.	535
L414	-----C-----.	499
P104	-----C-----.	479
PZ61	-----C-----.	473
UG06	-----C-----G-----A-----GA-----A-----AC-----.	526
CI211	-----.	477
UG275A	-----.	1281
UG273A	-----T-----A-----.	1293
VI191A	-----C-----.	1290
DJ264A	-----.	1266
DJ263A	-----G-----.	1290
DJ258A	-----.	1275
KENYA	-----C-----A-----A-----C-----.	1272
CARGAN	-----G-----.	1299
CARSAS	-----C-----.	1296
CAR4054	--C-----.	1281
CAR286A	-----C-----A-----GG-----.	1344
CAR4023	-TC-----A-C-----A-----G-----.	1347
CAR423A	GT-----C-----G-----.	1314
CI31	-----.	486
CI473	-----.	486
CI451	-----A-----.	471
CI145	-----.	483
CI3291	-T-----.	483
CI3263	-T-----T-----A-----.	498
CI201	-----.	483
CI3271	-----.	486
CI422	-----C-----G-----G-----.	486
CI3301	-----C-----A-----GC-----.	489
CA1	-----.	486
CONSENSUS-B	aca?????CTcccc...TGcAgaAta...AaacAaaTtaTAaacatg...tGgCAggaagttagaaaaA.	1221
SF2	-T-----.	1287
SF2B13	-T-----T-----.	1281
LAI	-----.	1311
HXB2R	--C-----.	1296
NY5CG	-T-----.	1272
NL43	-----.	1290
JRCSF	-T-----.	1272
JRFL	-----.	1269
ALA1	-----.	1275
JH32	--C-----.	1332
BAL1	-----.	1290
YU2	-----T-----T-----.	1257
BRVA	-----.	1278
91US005.11	-----.	1310
91US006.10	-----T-----T-----.	1304
BZ167A	-A-----.	1317
MA208	-----A-----T-----G-----.	1356
ETR	-----C-----T-----C-----A-----.	1299
BA1A	-----.	1290
MN	--T-A-----A-----.	1296
QZ4589	-----.	1302
CAM1	-----T-----.	1293
ADA	-----T-----T-----.	1284
JFL	-T-----.	1281
SIMI84	-----T-----.	1290
BCSG3C	-----.	1302
D31	-----.	1272
SF162	-----.	1266
OYI	-----T-----G-----.	1287
SF33	-----T-----.	1278
CDC42	-----.	1329
HAN	-T-----G-----T-----.	1287

CONSENSUS-B	aca??????CTccca...TGcAgaAta...AaacAaaTtaTAaacatg...tGgCAGgaagttaggaaaA.	1221
ENVVA	-----T-----	1296
RF	-----G-----	1317
WMJ22	-----G-----C-----	1266
TB132	-----G-----R-----	1233
92BR020..4	-----T-----G-----G-----	1277
92TH014..12	--G-----T-----G-----	1253
92US711..14	-----G-----G-----AA-----	1271
91US712..4	-----A-----	1274
92US714..1	-T-----T-----	1334
92US715..6	GT-----G-----A-----	1280
92US716..6	-----A-----G-----C-----	1262
92HT593..1	--T-----T-----A-----	1340
92HT594..10	-----G-----C-----	1271
92HT596..4	-T-----G-----T-----	1277
92HT599..24	-----T-----G-----AG-----C-----	1313
91HT651..11	-----	1265
RJS	-----G-----G-----	1281
GUN	-----AG-----GC-----	1180
SC	--C-----G-----	1278
SBA	-----T-----G-----	524
SBB	--T-----A-----G-----	539
SBC	-----	518
92BR014..1	--G-----T-----GA-----	1283
92TH026..6	--G-----T-----G-----	1253
92BR021..6	-----	1293
ACH9	GT-----	1170
ACP1	-----T-----	1134
JM	-----A-----G-----G-----	1251
WM	-----G-----	1185
CAN0A	-----G-----	486
P896	-----A-----T-----A-----	1284
BWB11A	-----	903
CI223	-T-----	477
49L1R	-T-----T-----	966
VE1	-----A-----G-----	1188
VE2	-----G-----CG-----	1194
VE3	-----C-----	1116
VE4	-----A-----	1242
VE5	-T-----G-----T-----C-----	1200
VE6	GT-----GGG-----T-----	1230
VE7	-----C-----T-----G.....C-CC-----	1215
VE8	-----G-----	1203
68A	-T-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----	1290
RJSP3	-----T-----A-----	976
US1	-----A-----	1290
US2	-----C-----	1281
US3	-----G-----G-----	1296
US4	-T-----GC-----C-A-----	1335
8020	-----T-----G-----T-----G-----C-----	1260
17305	-----	1218
24612	-----	1194
26807	-----T-----G-----	1248
27290	-T-----	1227
27481	-----A-----	1203
4995	-----	1203
CM237X	--G-----C-----G-----	1153
91HT652..11	-----	1283
92UG005	-----A-----G-----G-----	448
3202A12	-----G-----	1302
3202A21	-----G-----	1290
MANC	-----AT-----TT-----	1299
WEAU160	-----G-----	1299
SALL	-----	1284
CB1	-----	921
CB2	ATCACA-----T-----G-----	906
CB3	-T-----G-----C-----C-G-----	924
CB4	-----T-----G-----	936
CB5	-----G-----G-----	915
CB6	-T-----A-----	918
CB7	-----G-----	1002
CB8	-----T-A-----	930
CB9	--A-----G-----G-----	918

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	ACa.....cTcCcA...TgcAgaATA...AAaCAaaTTaTaAAcaTG...TGgCagGagGTaGGAcga?	1216
93MW959.18	--C.....-----.	1265
93MW960.3	-----.	1250
93MW965.26	-----.	1262
92BR025.9	-----A-----.	1271
UG268A2	-----.	1269
SM145A	-----A-----.	1272
D757	-----A--A-----.	928
D747	-----A-T-----.	1063
D760	-----A-----.	1089
D1044	-----A-----.	919
NOF	-----G-----.	891
SH750	-----.	924
DLU	-----.	921
D1024	-----A--T----T-----G-----.	1248
D744	-----A-----.	957
D766	-----A-----.	903
D808	-----A-----.	951
D868	-----A---T-----G--G-----.	939
ZAM18A	-----.	1272
ZAM20A	--T.....A-----.	1317
Z8A1	--C.....G-----AG-----G-----A-----.	476
DJ259A	-----T-A-----.	1224
DJ373A	-----T-A-----.	1263
SE364A	-----A--A-----.	1251
U0GOM	-----A--T-----.	918
BOOYD	-----CG-----T-----T-----.	921
CONSENSUS-D	aca.....cTcCcA...TgcAgaATA...AAaCAaaTTaAAacATG?..TGGCAGggAGtAGGAaAa.	1199
ELI	-----A-----.	1287
Z2Z6	-----A-----.	1287
Z6	-----A-----.	1293
NDK	-----.	1266
92UG021.16	-----.	1244
92UG046.8	-A-----.	1278
92UG024.2	-----A-----.	1280
92UG038.1	-A.....A-----.	1167
43425	-----A-----.	1179
JY1	-A-----.	1317
43424E	-----A-----.	1245
UG23	-G-----.	452
UG269A	-----.	1286
UG274A2	-G.....A-----.	1301
SE365A2	-----.	1275
CAR4020	-----G-----GA-----.	1383
C1132	-T-----T-----G-----G-----.	471
93ZR001.3	-----A-----.	1283
GP120AA	-----A-----.	1229
CONSENSUS-E	acA.....CtTCCA...TGCAGaGATa?..AagCAAaTTatAAACATG...TGgCAGggAGcAGGaCaA.	1273
93TH966.8	-T-----.	1274
93TH975.15	GT-----.	1265
92TH011.5	-T-----.	1214
92TH006.5	-T-----.	1265
TN235	-T-----.	1290
TN239	-T-----.	1278
TN241	-----.	1159
TN242	-----TA...C-----.	1275
TN243	-----.	1293
TN244	-----.	1177
92TH022.4	-T-----.	1271
1643E	-----.	960
93TH976.17	-----G-----.	1271
CM240X	-----.	1278
CARELO	-----GA-----.	1308
CAR4017	-----G-----G-----.	1302
CAR4071	-----G-----G-----.	1284
CARMBA	-----G-----.	1263

CONSENSUS-F	act.....CTcCca?..TGTagaATA...AaaCAaaTtgTaAAcaTG...TGGCAggaaGTgGGacgA.	1214
BZ163A	----.....---T-----C-----G-----.	1245
BZ126A	----.....---T-----C-C-----G-----.	1250
RJI03	----.....---T-----C-----.	885
93BR020.17	----.....---C-----.	1265
93BR029.2	----.....---C-----G-----T-----G-----.	1253
CA20	----.....---T-----T-----.	457
CA16	----.....---T-TGG-----A-----G-----T-----T-----.	459
CA4	-T-----A-----G-----T-----.	456
VI354	--A-----G-----G-----.	465
AR16	----.....---T-----A-----C-----A-----.	465
AR18	----.....---A-----G-----A-----G-----.	447
CONSENSUS-G	aca.....CTCCcA...TGTAggATA...AAACAAATTgTaAgaATG...TGGCAGAgagtggGaCAA.	1223
LBV217	----.....---A-----.	1302
RU511B	----.....-----A-----.	1137
RU570	----.....-----.	1134
92RU131.9	----.....-----A-----.	1265
47621	----.....-----G-----.	1143
47622	----.....---A-----G-----.	1164
92UG975.10	....A-----.	1262
CAR4067	----.....---A-----A-----G-A-----ACA-----.	1287
G3	....A-----G-----.	493
G9	-T-----A-----G-----.	531
JP882	----.....---A-----G-----.	525
JV832	----.....---AA-----G-G-----.	501
CONSENSUS-H	??A.....CTGC?A...TGCAGAATA...AAACAAATT?TAA?CATG...TGGCAGAGAG?AGGACAA.	371
CA13	AC-----A-----G-----G-----C-----.	492
VI557	GA-----C-----A-----A-----T-----.	477
CONSENSUS-O	??.aTACCT...TGCAGgtTa...AgACAagTgGTAAAGatca...TGGATgAgGGGAgggTCG.	1231
ANT70	.....C-----AAC-G-----G-----G-----A-----CA-----.	1287
MVP5180	.....A-----GC-A-----A-----A-----A-----.	1317
VAU	GCA.....-----G-----A-----GGAC-----A-----.	1323
VI686	.....-----A-----.	510
CA9	TGG.....-----A-----.	507
CONSENSUS-U	ac?.....CTcCCa...TGcA??ATA...AaaCAAAtTGTAAgaAtg...TGGCAG?gAGTaGGACAA.	1118
CAR4081	--T.....---G-----AA-----G-----G-----AA-----.	1278
Z3	--A.....-----GG-----G-G-----CA-----G-----.	1278
GM4	.....-----T-GA-----G-----.	777
Z1A	--C.....--G-----AG-----AC-----G-----G-----.	476
CONSENSUS-A	act.....ctccaa...TGcAgaATA...AagcaaATTgTaaaATg...TGGCAgagagtaGgacaA.	1211
AD_K124A2	--A.....---C-----T-A-----A-----A-----C-----GA-----G-----.	1302
DA_MAL	--A.....---C-----A-----A-----A-----A-----A-AC-----A-----.	1296
AD_UG266A2	--A.....---C-----A-----A-----A-----CC-----G-----AC-----.	1281
CA_ZAM184	--A.....---C-----A-----A-----A-----C-----.	1242
GX_VI525A2	--A.....---G-----A-----A-----G-GA-----G-----.	1326
BF_RJI01.5	--A.....---T-C-----A-----A-----A-----C-----A-----AG-----.	970
EA_CAR4039	--A.....---T-C-----AG-----G-----A-----C-----A-----.	1278
FB_93BR019.10	-T.....---C-----TC-----A-----C-----.	1283
FB_AR15	----.....---C-----A-----A-----C-GA-----GA-----A-----.	450
CD_DI2ACD	--A.....---C-----GA-----A-----C-----A-----A-----A-----.	1236
CONSENSUS-CPZ	ATA.....???C??...TGCAGAATT...A??CAGATAGTTA?T???...TGG??A??GT??AA?A.	657
CPZGAB	----...CTG-CA.....---GA-----G-TCA.....ATG-GG--AGG--G-----.	1248
CPZANT	----...GCA-AT.....---AG-----A-CAT.....GGC-TA--TTC--A-----.	1278

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	..GCaAtgTATgCccCtCCcATccaA...gGagtaaTAaggTgTgaatCAAAcATTACaGGacTacTatT	1276
U455	.....-----A-----AT-----T-----T-----	1340
SF1703	.....-----A-----A-----T-----	1376
IBNG	.....-----A-----G-----A-----T-----	1337
Z321	.....-----A-----G-----A-----T-----	1361
92RW020.5	.....-----C-----T-----	1309
92UG031.7	.....-----T-----A-----C-----	1348
92UG037.8	.....-----A-----T-----	1339
92RW009.14	.....-----A-----C-----T-----	1348
D687	.....-----G-----A-C-----T-----	996
K114	.....-----A-----AT-----CC-----	600
L414	.....-----A-----AC-----	564
P104	.....-----T-----TC-----A-----C-----T-----	544
PZ61	.....-----T-----GC-----A-----C-----T-----	538
UG06	.....-----CA-----T-----	591
CI211	.....-----A-----A-----A-----T-----A-----	542
UG275A	.....-----A-----T-----A-----T-----A-----	1346
UG273A	.....-----A-----	1358
VI191A	.....-----A-G-----A-----T-----A-----	1355
DJ264A	.....-----C-----A-----	1331
DJ263A	.....-----TC-----A-----A-----	1355
DJ258A	.....-----A-----TC-----A-----	1340
KENYA	.....-----A-----A-----T-----A-----	1337
CARGAN	.....-----AC-----A-----G-----	1364
CARSAS	.....-----A-----CG-----AC-----AG-----	1361
CAR4054	.....-----A-T-----C-----C-----	1346
CAR286A	.....-----A-----A-----	1409
CAR4023	.....-----T-----C-----A-----T-----A-C-----A-N-----	1412
CAR423A	.....-----A-----A-----A-----C-----	1379
CI31	.....-----C-----T-----	551
CI473	.....-----A-----A-----T-----C-----	551
CI451	.....-----A-----T-----	536
CI145	.....-----A-----A-T-----A-----	548
CI3291	.....-----A-----A-----C-----	548
CI3263	.....-----T-C-----C-----	563
CI201	.....-----C-----AA-----A-----G-----	548
CI3271	.....-----C-----A-----T-----T-----	551
CI422	.....-----T-----T-----T-----C-----	551
CI3301	.....-----T-----A-----AC-----TG-----G-----GC-----	554
CA1	.....-----A-----	551
CONSENSUS-B	..gCaaTGTatGccCctCCcatcaga...gGacaaaTtagatgttcaTcaaAtATTACA GGgcTgcTatT	1286
SF2	.....-----TG-----T-----	1352
SF2B13	.....-----TG-----T-----C-----	1346
LAI	.....-----C-----	1376
HXB2R	.....-----T-----	1361
NY5CG	.....-----T-----C-----	1337
NL43	.....-----T-----T-----	1355
JRCSF	.....-----T-----T-A-----	1337
JRFL	.....-----	1334
ALA1	.....-----GA-----C-----	1340
JH32	.....-----GA-----C-----	1397
BAL1	.....-----	1355
YU2	.....-----	1322
BRVA	.....-----A-----	1343
91US005.11	.....-----C-----T-----	1375
91US006.10	.....-----T-----	1369
BZ167A	.....-----GAT-----G-----T-----	1382
MA208	.....-----CA-----A-T-----C-----	1421
ETR	.....-----	1364
BA1A	.....-----	1355
MN	.....-----TGA-----A-----	1361
QZ4589	.....-----C-----T-C-----AC-----T-----	1367
CAM1	.....-----C-----AC-----C-----	1358
ADA	.....-----C-----AA-----	1349
JFL	.....-----AC-----A-----	1346
SIMI84	.....-----GA-----T-----T-----C-----	1355
BCSG3C	.....-----C-----A-----	1367
D31	.....-----T-----	1337
SF162	.....-----C-----A-----	1331
OYI	.....-----T-----G-----	1352
SF33	.....-----GA-----	1343
CDC42	.....-----T-----A-----T-----	1394
HAN	.....-----TG-----T-----A-----	1352

CONSENSUS-B	..gCaaTGTatGccCctCCcatcaga...	gGacaaaTtagatgttcaTcaaAtATTacaGGgcTgcTatT	1286
ENVVA	.....-----A-----	-----A-----	1361
RF	.....-----T-----	-----A-----AT-----A-----	1382
WMJ22	.....-----CA-----	-----	1331
TB132	.....-----T-----A-----G-----	-----CA-C-----	1298
92BR020.4	.....-----C-----T-----AG-----A-----A-----C-----	-----C-----A-----	1342
92TH014.12	.....-----	-----T-----	1318
92US711.14	.....-----C-----	-----TT-----G-----	1336
91US712.4	.....-----C-----	-----	1339
92US714.1	.....-----C-----	-----A-----	1399
92US715.6	.....-----C-----	-----A-----	1345
92US716.6	.....-----A-----	-----	1327
92HT593.1	.....-----TGA-----	-----	1405
92HT594.10	.....-----G-----C-----	-----C-----G-----	1336
92HT596.4	.....-----A-----T-----C-----	-----G-----	1342
92HT599.24	.....-----GC-----C-----	-----G-----T-----G-----A-----	1378
91HT651.11	.....-----T-----GAG-----G-----T-----	-----A-----	1330
RJS	...G-----GA-----	-----A-----G-----	1346
GUN	.....-----CA-----	-----A-----C-----	1245
SC	.....-----A-----	-----G-----A-----	1343
SBA	.....-----	-----A-----	589
SSB	.....-----T-----	-----	604
SBC	.....-----	-----A-----	583
92BR014.1	.....-----GAC-----	-----T-----C-C-----	1348
92TH026.6	.....-----A-----	-----C-----	1318
92BR021.6	.....-----	-----C-----	1358
ACH9	.....-----G-----	-----AC-----G-----A-----	1235
ACP1	.....-----C-----AC-----	-----	1199
JM	.....-----	-----T-----	1316
WM	.....-----GC-----	-----	1250
CAN0A	.....-----	-----	551
P896	.....-----C-----	-----	1349
BWB11A	.....-----T-----	-----	968
CI223	.....-----	-----C-----	542
49L1R	.....-----C-----T-----C-----GT-----	-----T-----A-----	1031
VE1	.....-----C-----	-----GG-T-----	1247
VE2	.....-----CA-----	-----C-----T-----	1259
VE3	.....-----G-----	-----CC-----A-----	1181
VE4	.....-----A-----A-----C-----	-----	1307
VE5	.....-----T-----	-----A-----	1265
VE6	.....-----G-G-----T-----A-----C-----	-----	1295
VE7	.....-----T-----TG-----A-GAC-----C-----	-----GC-----	1280
VE8	.....-----G-G-----T-----A-----C-----	-----	1268
68A	.....-----CA-----	-----C-----	1355
RJSP3	.....-----T-----C-----	-----	1041
US1	.....-----C-----	-----GT-----C-----	1355
US2	.....-----GC-----	-----	1346
US3	.....-----	-----	1361
US4	..C-----	-----T-----	1400
8020	.....-----GA-----G-----	-----C-----AA-----	1325
17305	.....-----T-----	-----G-----	1283
24612	.....-----T-----T-----C-----C-----T-----C-----	-----A-----A-----	1259
26807	.....-----T-----C-----C-----	-----G-----A-----	1313
27290	.....-----T-----T-----C-----	-----G-----A-----	1292
27481	.....-----T-----C-----C-----	-----G-----G-----A-----	1268
4995	.....-----GA-----C-----	-----	1268
CM237X	.....-----TG-----	-----A-----	1218
91HT652.11	.....-----G-----T-----AT-----A-C-----	-----	1348
92UG005	.....-----TGC-----T-----CCA-----C-----	-----A-----AT-G-----	513
3202A12	.....-----T-----	-----	1367
3202A21	.....-----T-----	-----	1355
MANC	.....-----C-----	-----C-----	1364
WEAU160	.....-----A-----GA-----	-----T-----	1364
SAL1	.....-----AC-----	-----C-----	1349
CB1	....	....	924
CB2	....	....	909
CB3	....	....	927
CB4	....	....	939
CB5	....	....	918
CB6	....	....	921
CB7	....	....	1005
CB8	....	....	933
CB9	....	....	921

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	??gcaATgTAtgCCCCTCCcaTTgaa...	gGaAacATAacaTGaaaTCaAataTcACAGGAcTacTAtT	1281
93MW959.18	.....	.....	1330
93MW960.3	.....	C.....	1315
93MW965.26	.....	C.....	1327
92BR025.9	.....	TA.....G.....T.....C	1336
UG268A2	.....	A.....A.....G.....C	1334
SM145A	.....	A.....A.....C	1337
D757	.....	G.....G.....C	993
D747	.....	C.....G.....C.....T.....A	1128
D760	.....	AT.....CC.....A-G	1154
D1044	.....	.....C	984
NOF	CGAGC	.....C	958
SH750	.....	C.....G.....A	989
DLU	.....	.....	986
D1024	.....	.....	1313
D744	.....	.....	1022
D766	.....	.....C	968
D808	.....	.....	1016
D868	.....	.....	1004
ZAM18A	.....	C	1337
ZAM20A	....T-----C-	C.....T	1382
Z8A1	....A-C-	C.....G-T-AC-C-C-G.....A	541
DJ259A	.....A-----	TA-----G-----G-----C	1289
DJ373A	.....C-----	TA---G-----G-----C	1328
SE364A	....A-----	C.....	1316
U0GOM	.....C-----	T-----C	983
BOOYD	.....C-----	TC-----	986
CONSENSUS-D	.GCAATgTATGCCCTCCcAtcgaa...	gGactaATcaaTGttcATCaAatATTACAGGgcTatTatT	1264
ELI	.....A-----	T-----A-AAC-TCT-----C	1352
Z2Z6	.....	.....A-T-T	1352
Z6	.....	.....A-T-T	1358
NDK	.....	.....T	1331
92UG021.16	.....T-----	A-----C-----C-----A-----G	1309
92UG046.8	.....T-----	.....C-----A-----G	1343
92UG024.2	.....TC-----	G-----A-----G	1345
92UG038.1	....A-----	T-----A-----G-----C-C	1232
43425	.....	CC-----A-----C-----A-A	1244
JY1	....T-----	CA-----	1382
43424E	.....T-----C-----	T-----C-----A-A	1310
UG23	.....C-----	AA-----C-----CGT	517
UG269A	.....T-----	GA-----G-----A-----G	1351
UG274A2	.....TAT-----	A-----C-----A-----G	1366
SE365A2	.....T-G-----	G-G-----GC-----C	1340
CAR4020	.....G-----	T-----A-----C-----	1448
C1132	.....T-----	A-----G-----C	536
93ZR001.3	.....AC-----	T-G-----A-----C-----A-----C	1348
GP120AA	.....G-G-----	AA-----C-----GC	1294
CONSENSUS-E	.gCAATGTAtgcTCCTCCCaTcagt...	GgAaqAaTTAAtTGTGTATCAAATATTACAGGAATACTATT	1338
93TH966.8	.....	.....	1339
93TH975.15	.....	.....A-----	1330
92TH011.5	.....	.....	1279
92TH006.5	.....	.....	1330
TN235	.....	.....	1355
TN239	.....A-----	.....	1343
TN241	.....	.....	1224
TN242	..C-----	G.....A-----	1340
TN243	.....	.....A-----	1358
TN244	.....	.....C-----	1242
92TH022.4	.....T-G...	.....	1336
1643E	.....	.....	1025
93TH976.17	.....	.....T-----G	1336
CM240X	.....	.....	1343
CARELO	.....	-A-CT-G-----	1373
CAR4017	.....C-----	.....GT-G-----	1367
CAR4071	.....GA-----	-A-GC-----	1349
CARMBA	.....AA-----	G-----GT-----	1328

CONSENSUS-F	..GCaATGTATGCCgctCCcATtgca...	GaaaacATTaccTGtAacTCaAatATtACAGGtcTactATT	1279
BZ163A	.....CT-----A-----G-----		1310
BZ126A	.....A-----		1315
RJ103	.....G-----		950
93BR020.17	.....AA-----	-----G-----	1330
93BR029.2	.....G-----		1318
CA20	.....C---T-A-C-----C-A---CAG-C-----G-C-----	522	
CA16	.....C---A-----G-CA---CAA-----G-C-----A-----	524	
CA4	...C-----C-----C-A---CAG-----T-----G-C-----	521	
VI354	...C-----C-----C-GA-----AA-A-----	530	
AR16	.....C-----G-----		530
AR18	.....T-----G-----		512
CONSENSUS-G	..GCaATGTATgcCCCTCCCAtcGCA...	GGAAaCATtAcaTGaaaTCAAACAttACAGGAcTacTaTT	1288
LBV217	.....T-----	-----A-----	1367
RU511B	.....	-----GG-----	1202
RU570	.....A-----T-----G-----		1199
92RU131.9	.....C-----TT-----		1330
47621	.....T-----G-----T-C-----T-----	1208	
47622	.....G-----G-----T-C-----GT-----	1229	
92UG975.10	...G-----GA-----		1327
CAR4067	.....AA-----T-----T-C-T-----T-C-----	1352	
CONSENSUS-H	..GCAATGTATGCCCTCCCATCAA?	GGAAA?ATTACATGTG?ATCAAATATTACAGG?CTAATATT	432
CA13	.....T-----G-----T-----A-----		557
VI557	.....A-----A-----A-----G-----		542
CONSENSUS-O	..gGAcTcTATGCaCCTCCCATC?a...	GGtAAccTAacATGta?TCaaACATAACTGGAATGATtcT	1293
ANT70	.....AA-----T-----TG-----C-----		1352
MVP5180	...A-A-----CC-----C-T-----CAT-C-----		1382
VAU	.....T-----C-----A-----GT-----C-GG-----		1388
VI686	.....T-----AG-----TA-----C-----		575
CA9	.....G-----GA-----A-----		572
CONSENSUS-U	..GCAAT?TAtGcccctCCcAT?gcA...	GGaa??AttAggTGca?aTCAAatattACAGGacTa?TAtT	1177
CAR4081	.....G-----CC-----GTA-----A-----TGA-----C-----A-C-----		1343
Z3	.....G-----T-C-A-----G-CA-----TC-----T-----C-----		1343
GM4	.....A-----TTTTC-----T-----AC-----CA-----C-----GAA-----T-GC-----		842
Z1A	.....A-C-----T-----GC-----AC-----AC-----G-C-----A-----		541
CONSENSUS-A	..GCaAtgTATgCccCtCCcATccaA...	gGagtaaTAaggTgTgaatCAAACAttACaGGacTacTatt	1276
AD_K124A2	.....TG-----C-C-C-AC-----TC-----T-----T-G-----		1367
DA_MAL	....T-----GC-----C-C-AC-----TT-----T-----G-GA-----		1361
AD_UG266A2	.....TG-----C-C-AA-----TC-----T-----T-----		1346
CA_ZAM184	.....TGC-----A-----AC-----A-----A-----A-----		1307
GX_VI525A2	.....GC-GCA-----AAC-----TGAA-----AG-----G-----A-----		1394
BF_RJI01.5	.....AG-----CA-----T-A-----TC-----T-----G-GA-----		1035
EA_CAR4039	.....T-----AGT-----T-AT-----T-----T-----		1343
FB_93BR019.10	.....G-----TGC-----AAC-----T-CC-----AGC-----T-----T-----		1348
FB_AR15	.....G-----CAG-----T-AC-----TC-----T-----G-G-----		515
CD_DI2ACD	.....TG-----C-C-C-AC-----TC-----T-----T-G-----		1301
CONSENSUS-CPZ	..GG?AT?TA???A?CCCC?A??AGA...	GG?AA??T?P?C?TG?A?TTC?A?CAT?ACTGGA?TT?T?TT	699
CPZGAB	...-A--A--TGC-C-----A-TC-----A--CA-CA-T--C-A---T-A---T-----C-C-C-----		1313
CPZANT	...-C--T--CTT-G----T-GG-----G--TG-TT-C--T-C---C-G-----A-----A--A-G-----		1343

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	aACaAGaGATGGtGgg??t???	.....aataatagtaca???.?????????????	1305
U455	-----G--TAC-	.....C---CA-A-	1371
SF1703	-----GA-	.....C-G-	1407
IBNG	-----A-	.....	1365
Z321	-----T-GG-	.....C-CGT-	1392
92RW020.5	-----A-	.....C	1337
92UG031.7	-----G-TGGG	.....G-GC-AC-GC.....ACAAT..	1385
92UG037.8	-----GG-	.....C-TC-A-GA-	1370
92RW009.14	-----AAA	.....C	1379
D687	-----A-	.....C-C-AT.....ACAAT..	1030
K114	-----TAAGGGT	.....C---C-G	634
L414	-----AA-	.....GGC-CA	592
P104	-----AC-	.....C-CCA	CAGTCAAAT..
PZ61	-----AGT-	.....C-G-CA	CAGTCAAATGAG
UG06	-----GG-AAT	.....G-CA	619
CI211	-----GG	.....C-GA	573
UG275A	-----A	.....GGG-C-ATACA	1377
UG273A	-----TTGGG	.....C	1389
VI191A	-----A-AG-	.....	1386
DJ264A	-----A--AG	.....	1362
DJ263A	-----A--AG	.....	1386
DJ258A	-----A--AG	.....	1371
KENYA	-----GA-	.....C-GA	1368
CARGAN	G-----TT-AAT	.....C-GG-CA-AT	1398
CARSAS	-----A-GGG	.....C-GT	1392
CAR4054	-----GTA	.....C-CACA	1377
CAR286A	-----CTG	.....GC-CACA	1440
CAR4023	-----GA	.....G-CTCA	1443
CAR423A	-----AAG	.....C-CA-T	1407
CI31	-----G-A-GA	.....AT	582
CI473	-----A-AA	.....A-GTATA	585
CI451	-----A-GA	.....	567
CI145	-----A-AAA	.....GTACA	582
CI3291	-----G-AA	.....A-ATAGT	582
CI3263	-----A-AA	.....G	594
CI201	-----A-AAAG	.....G-ATACA	582
CI3271	-----A-AA	.....G-A-T	582
CI422	-----G-A-AAG	.....G-A-T	582
CI3301	-----GT	.....G-G-T	585
CA1	-----A-GC	.....	582
CONSENSUS-B	aacaAGaGATgGtGGtaat????????????aa?aa?acc?????????.	.?????????????????	1312
SF2	-----CA	.....TGTA-T.....AAT	1383
SF2B13	-----TA	.....TGGAA-T.....AAT	1377
LAI	-----AACAAAC	.....TGGGT	1410
HXB2R	-----AGCACAC	.....TG-GT	1395
NY5CG	-----G-AAAGAG	.....C-GT	1371
NL43	-----AACAAAC	.....TGGGT	1389
JRCSF	-----A	.....TG-G-GTGAG	1368
JRFL	-----T-AATGAG	.....TGGG	1368
ALA1	-----	.....T-GC-G-AAC	1368
JH32	-----G-AACCAAG	.....CG-G	1431
BAL1	-----CC-GAGGAC	.....C-G	1389
YU2	-----GGACACG	.....CGGG-T	1356
BRVA	-----AAC	.....CG-G-ACC	1377
91US005.11	-----G-AGG	.....TG-C-A.....AAC	1409
91US006.10	-----TA	.....CC-G-G.....AGG	1400
BZ167A	-----	.....C-CA-A-GAG	1413
MA208	-----T-AAT	.....CGCG-G-AAG	1455
ETR	-----CACCCAGAAC	.....T-C-AAT.....AGC	1407
BA1A	-----CCAGAGGCA	.....C-G	1389
MN	-----GGACACGGACACG	.....CG-C	1401
QZ4589	-----T-GGACACG	.....CGGG	1401
CAM1	-----GAGGC GAA	.....TG-G	1392
ADA	-----A-C	.....C-GT-GTGGG	1380
JFL	-----AGAG	.....TGGGG	1377
SIMI84	-----G	.....CG-G-G-GAG	1386
BCSG3C	-----CGAGCGATACC	.....T-CC	1404
D31	-----AAATAAGGAC	.....CG-G	1374
SF162	-----AGAGATCAGT	.....C-CC	1368
OYI	-----G	.....C-CC-G.....AAC	1383
SF33	-----GG-GACAAG	.....C-GT	1377
CDC42	-----GG-GAG	.....CC-G	1425
HAN	-----GAT	.....C-GT-GT	1383

CONSENSUS-B	aacaAGaGATgGtGGtaat??????????????aa?aa?acc?????????.??.?????????????	1312
ENVVA	-----TG-G-A-GGGACCGAT.....GAGAACAGG	1407
RF	-----G---G-AGATAACAACT.....T-CT--A.....	1419
WMJ22	-----T-GC-G-.....AGC	1359
TB132	-----A---CCAA.....TGGG-----AAC	1332
92BR020.4	G----G-----T-TGAG.....ATGAAC	1373
92TH014.12	-----T-GTGA.....AACAGG	1349
92US711.14	-----G---C---G-A-.....1364	
91US712.4	-----TAAAC.....A-GCGAG.....AAC	1373
92US714.1	-----T-T-GG.....GAGATTAAAC	1436
92US715.6	-----CAGT.....CG-G-.....AAT	1379
92US716.6	-----CA.....TGCA-----	1355
92HT593.1	-----CAAT.....C---A---A.....AAC	1439
92HT594.10	-----G-GAAT.....CG-A-T-.....	1367
92HT596.4	-----G-GAAT.....CGGA-TGAA.....ATAAT	1382
92HT599.24	-----G-GTT.....TG-G-G-.....AAA	1412
91HT651.11	-----G---G---AAT.....TG-T---A.....ACC	1364
RJS	-----TA.....CGGG---AAC	1377
GUN	-----CGGG-G-GAG	1273
SC	-----AGCAAG.....TGGT-G-AAG.....AATGAG	1386
SBA	-----G---AAA.....CACA-CG-G---T.....	623
SBB	-----AACATAACAATACC---T-T-AT.....	647
SBC	-----AA.....CACA-CGTG---T.....	617
92BR014.1	-----CACACG.....C-GG-----	1382
92TH026.6	-----AATGAG.....C-CC-----	1352
92BR021.6	-----T-----C-T-G-.....AGC	1386
ACH9	-----C-----TG-G---ACC	1266
ACP1	-----G-CGAG.....CG-G-T-ACC	1233
JM	-----AGTAATAGT.....TG-C---TAAC	1356
WM	-----T-AAC.....T-C---AAT	AAT 1287
CAN0A	-----A-----AACAG.....CGGG---GAG	AAC 591
P896	-----A-----T-GT---TGAG	ACT 1380
BWB11A	-----GCAGCAGC.....TG-G-G-	1002
CI223	-----G---AACACG.....C-GC-----	576
49L1R	-----T-----G-CGAGACC	AAC 1065
VE1	-----C---G---TAAC	AAC 1281
VE2	-----CG-G---TAAC	1290
VE3	-----GAA.....CA-GC---ACC	1215
VE4	-----T-----TGA-ACG	AAC 1341
VE5	-----GT-----G-C-T-G-AAC	1296
VE6	-----G-----T-T-T-TAAC	1326
VE7	-----CC.....CG-C-A-GAG	1311
VE8	-----G-----T-T-T-TAAC	1299
68A	-----AAT.....T-GT-GTAAT	AAC 1392
RJSP3	G-----G.....T---CGGGCCC.....AAC	1075
US1	-----G---TG.....C---CGGGACCAAG	GACAAC 1395
US2	-----A---CGATAGC	AAC 1380
US3	-----AAC.....T-C---G	AAC 1395
US4	-----T-----C-AAC.....T-T-GGACG	AAC 1437
8020	-----C.....C-CC-ATGAG	ACCAAA 1359
17305	-----GT-----C.....T-C-G-ACT	AAC 1317
24612	-----GT-----C-T-G-ACG	AACACT 1296
26807	-----C---AGATAACG	GACAAC 1350
27290	-----GT-----G-G.....A-T-A-ACG	AACGAGACC 1332
27481	-----CT-----C-T-A-AAG	1299
4995	-----GC-C-GGACC	1299
CM237X	-----T---GGAGAAC	AAG 1252
91HT652.11	-----G---G-AAT.....T-GT---GAAC	1382
92UG005	G-----GCA.....T-GT-GTCAT	AGTGAGAATAGTAGT 559
3202A12	-----G.....G-CG-G-A-AAG	ACT 1401
3202A21	-----G.....G-CG-G-A-AAG	ACT 1389
MANC	-----CT-T-T-TACT	GGGAAC 1401
WEAU160	-----G-AGT.....G-AG-G-A-CAG	1398
SAL1	G-----G---G---GAC.....CA---CGAG	1380

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	GacacGtGaTGgaGGaaca?????????????..aataataca?????????????????????????	1309
93MW959.18	-----G-----TC--ACT.....-----C-CA-AG.....	1361
93MW960.3	-CT-----TCACACAAACACA.....-C.....	1352
93MW965.26	-----GA.....-----GG.....	1355
92BR025.9	-----G-----T-----GGTATG.....C--G-C-----	1370
UG268A2	-----GGAGACAAGTGAGACA.....GC.....	1374
SM145A	-CTG-----ATGATCCAAAA.....-GA-C-GA-GAG.....CAAATAACACA	1389
D757	-GT-----GAGTCA.....	1027
D747	-GT-----T-GAGCTA.....-G.....AAGACA	1168
D760	-GT-----GA-GACACA.....-G.....	1188
D1044	-GA-----C-GAC.....	1015
NOF	-----ACGCA.....-C-CA-----AATAATACCCA	1001
SH750	--T---C-----CGAGGAA.....-GGC-----GAGAGA.....AATGGCACA	1035
DLU	--T-----.....-G-----GACAAAGAG	1023
D1024	-GTG-----GAGTCA.....-C-----	1347
D744	-GT-----CG-GGACAAGAGTC.....-C-----	1062
D766	-GT-----GAGTCA.....	1002
D808	-GT-----GAATCA.....	1050
D868	-G-----GAGTCA.....	1038
ZAM18A	-----G-----GT-----G-----CACA.....	1368
ZAM20A	-----T-GATACA.....-----G-----AAAATCACACATGAAACAAATGGCACA	1443
Z8A1	-----A-A-----T-T-AT.....-----T-GGTGAT.....	572
DJ259A	-----G-----.....-CC--ACA.....	1320
DJ373A	-----G-----.....-GC--GAC.....	1359
SE364A	-----ACTAAT.....	1350
U0GOM	-----GA-AATGGAGAAAAG.....C--C-----	1023
BOOYD	-CT-----T-----ACACAGACACA.....-C-CA-G.....AATAACACA	1032
CONSENSUS-D	gacAAGaGAtGGtGGta?a?????.....aata?ta?t???.....?????????????	1289
ELI	-----T-AAT.....-----G-C-----	1383
Z2Z6	-----C-AAT.....-----G-TC-----	1383
Z6	-----C-AAT.....-----G-TC-----	1389
NDK	A-----GC-AAT.....-----G-TC-----	1362
92UG021.16	-----GT-AAA.....-----A-G-CAG.....	1343
92UG046.8	-----G-A.....-----A-C-AGG.....	1371
92UG024.2	-----AT.....-C-G-CAG.....	1373
92UG038.1	-----T-GGGAAA.....-----A-G-CAG.....	1269
43425	-----AC.....-----C-A-TC-AGA.....	1275
JY1	-----C-----GT-AAT.....-----G-C-----	1413
43424E	-----G-AC.....-----G-TC-A-TCT.....	1341
UG23	A-----.....-----CA-G-AAT.....	545
UG269A	-----T-ACT.....-----C-A-G-----	1382
UG274A2	A-----GT.....-----A-G-AGT.....AATGAGACTAGCAGT	1412
SE365A2	-CT-----G-T-CAT.....-----C-GC.....AATGAGACC.....	1380
CAR4020	-----ATACAAAG.....-----CGGA-G-AAG.....AATGAT.....	1491
C1132	-CT-----GGT.....-----A-CA-AGT.....	567
93ZR001.3	-----G-GC.....-----C-G-C-----	1376
GP120AA	-----G-----GGT.....-----GCA-A-A-AAT.....AATAGT	1331
CONSENSUS-E	gacAAGagATGGTGGtgct?????.....aaTaatacgac?.....	1368
93TH966.8	-----.....-----GT.....	1370
93TH975.15	-----A-----.....-----GT-G.....	1361
92TH011.5	-----A-----.....-T-G-A-G.....	1310
92TH006.5	A-----.....-----T.....	1361
TN235	-----A-----.....-T-----A-T.....	1386
TN239	-----.....-----T.....	1374
TN241	-----.....-----C-T.....	1255
TN242	-----.....-----A-AT.....	1371
TN243	-----.....-----C-T.....	1389
TN244	-----.....-C-----AT-G.....	1273
92TH022.4	-----G-----.....-G-----	1364
1643E	-----.....TC-----ATG-G.....	1053
93TH976.17	-----.....-T-G-T.....	1367
CM240X	-----T.....	1371
CARELO	-----C.....-----C-G-----	1401
CAR4017	A-T-----.....-----G-G-ACAC.....	1395
CAR4071	-GT-----AAAATTGAA.....-----G-G-C.....	1383
CARMBA	A-----GATGCTG.....-----ACAA.....	1362

CONSENSUS-F	gACAAGAGATGGTggtcagaat?????.....	aAT?atact?????????.....	???	1309
BZ163A	-----AAT.....	---C-G-----	.....	1344
BZ126A	-----AGT.....	---C-G-----	.....	1349
RJI03	-----T-T---GAT.....	---GC-----	.....	987
93BR020.17	-----T.....	---AG-----	.....	1358
93BR029.2	-----	---G--A-CAG.....	.....	1349
CA20	-----AACAAA.....	---GGGT-C.....	.....	550
CA16	-----ATT-CCACCAAA.....	---G-A-C.....	.....	561
CA4	-----AG---ACA.....	---GGGT-C.....	.....	555
VI354	-----AGT.....	---G-A-G-ACT.....	.....	564
AR16	-----G.....	---A---GATACTAAG.....	.....	570
AR18	-----G-C.....	---AG---AATCAG.....	.....	549
CONSENSUS-G	AACAAgGaGAtGGtGGgaat???.	AataatAca???.	.a??	1317
LBV217	-----	---G---C.....	.AT	1395
RU511B	-----GGT.....	---G-G-GC.....	.CA	1236
RU570	-----	.....	.....	1227
92RU131.9	-----CAAT.....	---C-GC.....	.CA	1364
47621	-----	---T-G-C-AT.....	.CA	1236
47622	-----GGAAT.....	---C-----	.....	1260
92UG975.10	-----AT.....	---C-----	.....	1355
CAR4067	-----C-T--C--G--A.....	---G---GAG.....	.AT	1386
CONSENSUS-H	GACAAGTGA?CATGTT.....	AAT??TCTGCAGA?.....	.....	458
CA13	-----C-----	---CGG-----G.....	.....	588
VI557	-----T-----	-----A.....	.....	570
CONSENSUS-O	aCAA?TgGAta??...cCATGG.....	AAca?cAgc???????	???????	1317
ANT70	---A----AC...A-----	---G-----	.AAC	1383
MVP5180	---GT-A---CAA.....	---TTC--CA.....	.GGT	1413
VAU	---T---C-CG.....	---T-AA-CA.....	.CATCCT	1422
VI686	---A----TG.....	---AA-----	.....	603
CA9	G---C-A---CGT.....	---G---AGAGAC.....	.....	606
CONSENSUS-U	gACAAgAGATGGtGG?aat???.	aata?act.....	???	1202
CAR4081	A-----A-----	---AG---	.AAT	1374
Z3	-----T---GGCA.....	---GCA---	.....	1375
GM4	---C-----G--A.....	.....	.....	858
Z1A	-----T-----	---TTGG-	.....	569
CONSENSUS-A	aACaAGAGATGGtGgg??t???.	aataatagtaca???.	?????????????	1305
AD_K124A2	G-----TGAAAAT.....	---G-----	.....	1398
DA_MAL	-----A.....	---G---GACAATAGT.....	.....	1395
AD_UG266A2	G-----TGTC.....	.....	.....	1374
CA_ZAM184	GT-----AACAGTGGG.....	---C-G--CC.....	.AAT	1344
GX_VI525A2	-----AA-AAT.....	-----CC.....	.....	1425
BF_RJI01.5	--T-----TAA.....	---C---AC.....	.....	1063
EA_CAR4039	G-----A.....	---GC-----GGT.....	.....	1371
FB_93BR019.10	G-----TCAG.....	---C-G-C-.....	.....	1376
FB_AR15	-----TAC-GAT.....	---C--A-CC-AC.....	.....	549
CD_DI2ACD	G-----TGTA.....	---CAG.....	.....	1332
CONSENSUS-CPZ	?????????????TC???T???T.....	AA??A?A?T.....	.....	708
CPZGAB	AACTCAGACAC-CTG-GAC-.....	---CA-C-G-.....	.....	1344
CPZANT	GGAA.....GG---AAA-ATA-.....	---TG-A-C-.....	.....	1368

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	???aatgAgAccTTcAGaCCtggAGGAgGAgatAtgAgggAcAAAtTGGAgAAgTGAatTATATAagTAtA	1372
U455	.....-----A-----AC-----A-----	1438
SF1703	.....-----A-----G-----	1474
IBNG	.....-----A-----G-----	1432
Z321	.....-----	1459
92RW020.5	.....-----A-T-----A-----	1404
92UG031.7	GGA-----A-----A-----	1455
92UG037.8	...-G-C-A-T-----	1437
92RW009.14	...-C---A-----T-----C-----A-----	1446
D687	GAG-C-----G-----	1100
K114	.....-----AC-----A-----GA-----	698
L414	GAG-TA-----A-T-----A-----G-----	662
P104	.....-----G-----	648
PZ61	GCA-----G-----	651
UG06	...G-G-A-----	686
CI211	.....-----A-----	640
UG275A	.....-----A-----A-----	1444
UG273A	.....-----A-----A-----A-----	1456
VI191A	.....-----A-----	1453
DJ264A	.....-----T-----G-----	1429
DJ263A	.....-----C-----C-----	1453
DJ258A	.....-----T-----G-----T-----	1438
KENYA	...G--A-----	1435
CARGAN	GAT-C-----G-----A-----A-----	1468
CARSAS	.....-----A-----A-----CA-----	1459
CAR4054	.....-----T-----AC-----A-----AA-----A-----	1444
CAR286A	.....-----AC-----A-----	1507
CAR4023	.....-----T-----AC-----A-----C-----	1510
CAR423A	.....-----A-----T-----AT-----G-----	1474
CI31	.....-----G-----	649
CI473	.....-----T-----G-----	652
CI451	.....-----T-----G-----A-----G-----	634
CI145	.....-----G-----C-----	649
CI3291	GCA-----T-----G-----C-----	652
CI3263	.....-----T-----G-----G-----C-----	661
CI201	...G-----	649
CI3271	...C-----G-----	649
CI422	...CC-----T-----G-----A-----	649
CI3301	...GC-----G-----A-----A-----A-----	652
CA1	...-----A-----G-----G-----	649
CONSENSUS-B	???ac?GagatcTTcAGACctGgaGGaGGagatATGAggGacAAAtGGaGaAgTgaAtTaTAtAaaTAtA	1378
SF2	GAC-----C-----G-----	1453
SF2B13	GAC-----C-----G-----	1447
LAI	.....-----	1474
HXB2R	.....-----	1459
NY5CG	...-C-----	1438
NL43	.....-----C-----	1453
JRCSF	...-TC-----C-----	1435
JRFL	.....-----	1432
ALA1	AAC-----C-----	1438
JH32	.....-----C-----A-----	1495
BAL1	.....-----G-----T-----	1453
YU2	.....-----	1420
BRVA	GAC-----C-----A-----	1447
91US005.11	GGG-----C-----G-----C-----	1479
91US006.10	ACG-----AC-----C-----A-----A-----G-----C-----	1470
BZ167A	...-T-----C-----	1480
MA208	GAC-----AC-----C-----	1525
ETR	AGT-----TC-----	1477
BA1A	.....-----G-----	1453
MN	.....-----	1465
QZ4589	.....-----A-----G-----	1465
CAM1	.....-----C-----	1456
ADA	...T-C-----G-----	1447
JFL	.....-----A-----A-----	1441
SIMI84	ACC-----C-----T-----C-----	1456
BCSG3C	.....-----C-----	1468
D31	.....-----C-----A-----	1438
SF162	.....-----T-----	1432
OYI	GGG-----TC-----A-----C-----C-----	1453
SF33	...-C-----T-----C-----A-----A-----	1444
CDC42	...-C-----T-----	1492
HAN	ACC-----C-----G-----A-----A-----	1453

CONSENSUS-B	???ac?GagatcTTcAGACctGgaGGagatATGAggGacAAttGGaGaAgTgaAtTaTAtAaaTAtA	1378
ENVVA	ACCGAG-----	1477
RF	.....-----T-----A-----	1483
WMJ22	AGGGAA-----A-----	1429
TB132	GAG---T---A-----A-----C-----	1402
92BR020.4	ACG---C-----G-----	1443
92TH014.12	ACC---C---C-----	1419
92US711.14	GAG---C---C-----	1434
91US712.4	GGG---C-----A-----C-----	1443
92US714.1	ACC---C---G-----G-----	1506
92US715.6	ACC---C---G-----A-----A-----	1449
92US716.6	...-AC---C-----A-----	1422
92HT593.1	GGG---T-----	1509
92HT594.10	.....-----CT-----	1431
92HT596.4	GAA---T---CT-----	1452
92HT599.24	GAC-AT---C-----A-----	1482
91HT651.11	GAG---C---C-----T-----C-----	1434
RJS	GAC---C---C-----	1447
GUN	AAC---C-----G-----	1343
SC	AAC---A-----T-----G-----	1456
SBA	.....-----	687
SSB	...-T---A-----C-----	714
SBC	.....-----	681
92BR014.1	...GAA-----A-----	1449
92TH026.6	.....-----A-----A-----	1416
92BR021.6	GCG-AT---A-C-----A-----	1456
ACH9	GAC---C---C-----	1336
ACP1	AAC-TC---C-----G-----A-----	1303
JM	AAG---A---C-----A-----A-----	1426
WM	GAC---C-----A-----	1357
CAN0A	GGG---C---A-----	621
P896	GAG---T-----	1450
CI223	...-T---C-----A-----	643
49L1R	GGG---A---C-----	1093
VE1	GAG---C---C-----	1351
VE2	GGG---T---C-----T-----	1360
VE3	...-AC---C-----	1282
VE4	GGG---C-CC-----CA-----	1411
VE5	CAG---C-----C-----CG-----	1366
VE6	...-AT---C-----A-----A-----	1393
VE7	...-T---C-----T-----A-----A-----T-----	1378
VE8	...-AT---C-----A-----A-----	1366
68A	AAC---T---A-----	1462
RJSP3	GAGT-C---A-----A-G-----	1145
US1	GAG---C---G-----	1465
US2	GGG---C-----	1450
US3	AGG---T-----	1465
US4	GAC---C---C-----G-----A-C---A-----	1507
8020	GCC---C---C-----G-----A-----	1429
17305	AAC---A-----C-----	1387
24612	GCC---C-----A-----	1366
26807	ACC---C-----	1420
27290	ACCGAG-----A-----A-----T-----	1402
27481	...-C-----	1366
4995	...-AC---C-----	1366
CM237X	ACC---C---C---T-----T-----G-----	1322
91HT652.11	.....-----C-----A-T-----C-----	1446
92UG005	CAT-AT---C-----A-T-----C-----	629
3202A12	GGG---T-----A-T-----	1471
3202A21	GGG---T-----A-T-----	1459
MANC	ACC---C---C-----A-----	1471
WEAU160	...-C-----A-----A-T-----	1465
SAL1	...-C---G-----	1447

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	??????GAgAcaTTCAGaCCtggAGGAGgAgAtATGAgggACAAAtTGGAGAAgTgAAAtTaTAtAAaTAtA	1373
93MW959.18	...ACA-----G-----	1428
93MW960.3	.....	1416
93MW965.26	....ACT-----A-----	1422
92BR025.9	.....-T----G---A-	1434
UG268A2	.....	1438
SM145A	.....-G-----A-----	1453
D757	.....	1091
D747	.....-G-----A-----	1232
D760	.....-T----T-----	1252
D1044	.....-T-----A-----	1079
NOF	.....-T-----A-----A-----	1065
SH750	.....-T-----	1099
DLU	.....-A-----C-----	1087
D1024	.....	1411
D744	.....-T-----C-----A-----	1126
D766	GAGACA-----	1072
D808	.....-----A-----	1114
D868	.....-T-----A-----	1102
ZAM18A	AACACA-----	1438
ZAM20A	AGGAAC-----	1513
Z8A1	...AAT-----C-----AT-----C-----	639
DJ259A	GAAGGA---T-----	1390
DJ373A	.....	1423
SE364A	.....-T-----	1414
U0GOM	.....-----C-----C-----	1087
BOOYD	.....-----C-A-----A-----	1096
CONSENSUS-D	???aatGAgAcCtTcAGaCCtGGAGGaGGagATATgAgaGAcAAAtGGAGAAgTGAattTATAcAAATATA	1356
ELI	...-C-----T-----G-----	1450
Z2Z6	...-C-----G-----	1450
Z6	...-C-----G-----	1456
NDK	...C-----A-----G-----	1429
92UG021.16	...-----G-----C-----A-----	1410
92UG046.8	CAG-----A-----G-----	1441
92UG024.2	.....	1440
92UG038.1	AAT-----T-----	1339
43425	.....-----G-----T-----	1339
JY1	...-----A-----A-----	1480
43424E	...-GC-----G-----	1408
UG23	.....-----A-----G-----	612
UG269A	...-----A-----	1449
UG274A2	AAA-----T-----	1482
SE365A2	.....-----G-----T-----	1444
CAR4020	...-T-----T-----G-----G-----	1558
C1132	.....-----A-G-----T-----	634
93ZR001.3	...-C-----A-----	1443
GP120AA	CAT-----C-----T-----	1401
CONSENSUS-E	???AacGAgACCTTCAGACCTGGAGGAGGaAAtATaAAGGAcAATTGgAGAAgTgAATTaTATAAATATA	1435
93TH966.8	...-T-----	1437
93TH975.15	ACT-----T-----	1431
92TH011.5	.....	1377
92TH006.5	.....	1428
TN235	.....-----A-----A-----	1453
TN239	.....	1441
TN241	.....	1322
TN242	...-G-----	1438
TN243	...-----	1456
TN244	AAT-----A-----	1343
92TH022.4	...-----	1431
1643E	AGT-G----	1062
93TH976.17	...-GT-----	1434
CM240X	GAT-----C-----	1441
CARELO	...-T-----G-----G-----	1468
CAR4017	GAG-----	1465
CAR4071	...-T---A-----G-----	1450
CARMBA	...-T-----T-----A-----	1429

CONSENSUS-F	???a??GAgAcCtTCAGaCCTGGgGGaaAtATGaaaGACaAtTGGAGAAGTGaAtTaTAtAAaTATA	1374
BZ163A	.....-----T--TG-----T-----T-----G-----	1408
BZ126A	.....-----	1413
RJI03	ACG-CT-----	1057
93BR020.17	...-AT-----	1425
93BR029.2	...GAG-----C-----	1416
CA20	.....-----C-----A-G-G-----G-----C-----	614
CA16	.....-----C-C-----A-G-----	625
CA4	.....-----C-G-----A-----G-----G-----C-----	619
VI354	...-AT-----A-----G-C-G-----C-----	631
AR16	AGG-CT-----CG-----	640
AR18	...-CT-----T-----	616
CONSENSUS-G	???AatGAgACCTTCAGACCTGgAGGAGGAGAtATGaggGAcAATTGGAGAAGTGAAtTATATAAqTATA	1384
LBV217	GGA-----C-----C-----	1465
RU511B	.....-----	1303
RU570	...-----G-----	1294
92RU131.9	AAT-----	1434
47621	...-----A-----	1303
47622	...-----A-----	1327
92UG975.10	...-----C-----AA-----	1422
CAR4067	AGA-CA-----T-----	1456
CONSENSUS-H	?????A?GT?ACCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAGTGAATTATATAAATATA	522
CA13	...G-G-G-----	655
VI557	AGTA-T--T-----	640
CONSENSUS-O	?a?Aac???ACacTTAGACCagtAGGGGGAGAtATGAAAGATATATGGAGAACTgAATTgTtCAAaTAcA	1382
ANT70	A-C--TGT-----A-----C-----	1453
MVP5180	G-A-T-----	1480
VAU	A-C-G-ACC-C-----G-----	1492
VI686	...---ACC---T-----C-----	670
CA9	.....-----T-----C-----G-----	670
CONSENSUS-U	?a?A?tGA?ACCTTcAGACCT?gaGGAGGAgA?ATgAg?GAcAATTGGAGAAGTGAAtTaTATAaaTATA	1265
CAR4081	A-C-C---A-----G-G-----T-----G-----	1444
Z3	C-A-A---G-----T-----G-----C-----AA-T-----G-----G-----	1445
GM4	...-CA-G-----AC-----A-T---A-A-----G-----	925
Z1A	G-T-A---A-----AT-----C-----G-----C-----	639
CONSENSUS-A	???aatgAgAccTTcAGaCCtggAGGAgGAgatAtgAgggAcAAAtTGGAgAAgTGAatTATATAagTAtA	1372
AD_K124A2	CAG-----A-----	1468
DA_MAL	GAC-----A-----	1465
AD_UG266A2	CAG-----	1444
CA_ZAM184	GGG-C-----	1414
GX_VI525A2	.....-----C-----G-----	1492
BF_RJI01.5	GAG-GC-----T-----G-----	1133
EA_CAR4039	GAACC-----A-----G-----	1441
FB_93BR019.10	...G-A---T-----G-----A-----A-----	1443
FB_AR15	AAC-CC---A-----A-----	619
CD_DI2ACD	...G-G---T-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----	1399
CONSENSUS-CPZ	????????T?A?A?T??ACCT??G??G?AA??T??AGA??TGGAGA??GAG?T?T??A?GTA??	739
CPZGAB	GGTAACC-G-C-T-TAG---ACA-GA-G-ACA-GAA---TATT-----AGT---C-C-AT-A---TA	1414
CPZANT	.....G-T-A-G-GTC----CT-C-GAG-AGC---CCAA---GCG---T-G-CC-G---CC	1429

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	AaGtaGTaaaaaTtgaacCCacTaGGagTAGcACCcacCcg...GCAAAAAGaAGAGTGGTG.....	1431
U455	-----A-----G-----	1497
SF1703	-----C-----G-----	1533
IBNG	-----T-----	1491
Z321	-----G-----AA-----	1518
92RW020.5	-----T-----A-----G-----	1463
92UG031.7	-----A-----G-----	1514
92UG037.8	-----AA-----G-----	1496
92RW009.14	-----A-----G-----G-----	1505
D687	-----AT-----T-----T-----T-----	1159
K114	-----GG-G---AC-----A-----G-----	757
L414	-----C-----A-----T-----A-----GG-----	721
P104	-----G-----T-----T-----A-----G-----	707
PZ61	-----C-----T-----A-----	710
UG06	-----G-----T-----A-----G-----	745
CI211	-----G-----T-----AT-----G-----	699
UG275A	-----C-----T-----A-----GG-----G-----	1503
UG273A	-----C-----T-----T-----CA-----G-----	1515
VI191A	-----T-----G-A-----G-----	1512
DJ264A	-----TA-----AT-----G-----	1488
DJ263A	-----T-----T-----	1512
DJ258A	-----T-----T-----	1497
KENYA	-----AA-----G-----	1494
CARGAN	-----T-G..----CG-----	1507
CARSAS	-----A-----	1501
CAR4054	-----GG-G---A-----A-----	1486
CAR286A	-----GG-----A-T-----	1549
CAR4023	-----GG-----T-----	1552
CAR423A	-----GG-----T-----	1516
CI31	-----G-----A-----T-----A-----T-----	708
CI473	-----T-----AT-----	711
CI451	-----T-----AT-----	693
CI145	-----T-----TAT-----	708
CI3291	-----T-----AT-----	711
CI3263	-----G-----T-----AT-----	720
CI201	-----C-----T-----T-A-----T-----	708
CI3271	-----T-----AT-----	708
CI422	-----T-----CT-----	708
CI3301	-----AA-----G-----	711
CA1	-----G-----T-----CT-----	708
CONSENSUS-B	AagTagTaaaaaTtgaaccAtTaGGagTaGCacCcaccaaG...gCaAagAgaAGAgtggTG.....	1437
SF2	-----A-----A-----	1512
SF2B13	-----A-----	1506
LAI	-----	1533
HXB2R	-----	1518
NY5CG	-----G-----	1497
NL43	-----	1512
JRCSF	-----	1494
JRFL	-----	1491
ALA1	-----G-----	1497
JH32	-----TT-----	1554
BAL1	-----	1512
YU2	-----	1479
BRVA	-----	1506
91US005.11	-----A-----G-----	1538
91US006.10	-----A-----A-----T-----	1529
BZ167A	-----A-----	1539
MA208	-----T-C-----AA-----	1584
ETR	-----G-----	1536
BA1A	-----	1512
MN	-----C-----	1524
QZ4589	-----G-----C-----	1524
CAM1	-----	1515
ADA	-----A-----	1506
JFL	-----G-----	1500
SIMI84	-----G-G-G-----G-----	1515
BCSG3C	-----C-----	1527
D31	-----	1497
SF162	-----G-----	1491
OYI	-----G-----	1512
SF33	-----	1503
CDC42	-----C-----	1551
HAN	-----	1512

CONSENSUS-B	AagTagTaaaaaTtgaaccAtTaGGagTaGCacCcaccaaG...gCaAagAgaAGAgtggTG.....	1437
ENVVA	-----G-----	1536
RF	----G----G----G----T-G-----	1542
WMJ22	-----G-----	1488
TB132	-----T-x-----A-----	1461
92BR020.4	----G----A----G-----	1502
92TH014.12	----G----A-----C-----	1478
92US711.14	----G----A-----G-----	1493
91US712.4	-----G-----G-----	1502
92US714.1	-----G-----	1565
92US715.6	----G----A----G-----	1508
92US716.6	-----G-----	1481
92HT593.1	-----G-----	1568
92HT594.10	-----G-----	1490
92HT596.4	-----A-----	1511
92HT599.24	----G-----T-----	1541
91HT651.11	-----G-----	1493
RJS	-----G-----	1506
GUN	-----G-A-----	1402
SC	-----	1515
SBA	----G-----A-----	746
SBB	----A-C-----	773
SBC	-----	740
92BR014.1	-----G-----	1508
92TH026.6	-----G-----	1475
92BR021.6	----G----G-----	1515
ACH9	-----G-----	1395
ACP1	-----G-----	1362
JM	-----G-----	1485
WM	-----G-----	1416
P896	----G-----A-----G-----ACA-----	1509
CI223	-----	702
VE1	-----	1410
VE2	-----	1419
VE3	----A-----T---C-----A-----	1341
VE4	-----A-----	1470
VE5	-G-----G-----A-----AT-----	1425
VE6	-----	1452
VE7	----C-----A-----	1437
VE8	-----	1425
68A	-----C-----	1521
HEI3BL	-----	21
HEI4BL	-----	21
HEI20BL	-----	21
HEI22BL	-----G-----	21
HEI27BL	-----	21
HEI28BL	-----A-----	21
RJSP3	-----A-----G-----	1204
US1	-----	1524
US2	-----A-----	1509
US3	----G----G-----G-----	1524
US4	----G-----C...C-----	1566
8020	-----G-----G-----	1488
17305	----T-----G-----	1446
24612	----G-----A-C---T---G-----A-----	1425
26807	----G-----C-----	1479
27290	----G-----A-----	1461
27481	----G-G-----G-----A-----	1425
4995	----G-----	1425
CM237X	--A-----G-----	1381
91HT652.11	----G-----	1505
92UG005	----G-----C---TC---A-----A-----	688
3202A12	-----	1530
3202A21	-----G-----	1518
MANC	-----G-----A-----	1530
WEAU160	-----	1524
SAL1	-----	1506

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	AaGTgGTAgAaaTTaAgCCAtTgGGagTAGcaCCCACTa?g...gCaAaaAGgaGAGtGGTG??????...	1431
93MW959.18	-----A-----	1487
93MW960.3	-----GA-----	1475
93MW965.26	-G-----A-----GGT-----C-----	1481
92BR025.9	-----A-----A-----A-----	1493
UG268A2	-----G-----C-----A-----A-----	1497
SM145A	-G-----A-----A-----A-----GG-----	1512
D757	-----G-----CT-----	1150
D747	-----G-----CT-----	1291
D760	-----CA-----	1311
D1044	-----CA...C-----	1138
NOF	-----A-----GGA...T-----	1124
SH750	-----GG-----	1158
DLU	-----A-----A-----A-----	1146
D1024	-----GCA-----	1470
D744	-----GCA-----	1185
D766	-----A-----GCA-----	1131
D808	-----CA-----	1173
D868	-----T-----CA-----	1161
ZAM18A	-----A-----CA-----GC-----GAG-----	1500
ZAM20A	-----A-----C-----A-----A-----GG...C-C-----GAGAAG-----	1578
Z8A1	-----A-----A-G-----G-A-----A-----G-----GG-----AC---C-----	698
DJ259A	-----G-----A-----A-----A-----A-----	1449
DJ373A	-----A-----C-----A-----	1482
SE364A	-----A-----A-----A-----	1473
U0GOM	-----A-----A-----	1146
BOOYD	-----GA-----	1155
CONSENSUS-D	AaGTagTaagAaTtgAaCCAcTAGGagtaGCACCCACca?g...gCAAagaGaAGAGTGGTG.....	1414
ELI	-G-----CA-----G-----	1509
Z2Z6	-G-----A-----G-----T-----G-----	1509
Z6	-G-----A-----A-----A-----	1515
NDK	-----A-----A-----A-----G-----	1488
92UG021.16	-----TC-----A-----G-----	1469
92UG046.8	-----TC-----TGA-----	1500
92UG024.2	-----A-----A-----TC-----G-----	1499
92UG038.1	-----A-----T-----	1398
43425	-G-----A-----G-----	1398
JY1	-----A-----G-----	1539
43424E	-G-----G-----T-----A-----A-----	1467
UG23	-----A-----T-----G-----T-----A...A-----A-----	671
UG269A	-----TC-----C-----	1508
UG274A2	-----TCGG-----G-----A-----G-----	1541
SE365A2	-----C-C-----CA-----	1503
CAR4020	-----A-----A-----CG-----	1600
C1132	-----C-----G-----	693
93ZR001.3	-----A-----G-----	1502
GP120AA	-----G-----A-----C-----AG-----	1460
CONSENSUS-E	AAGTAGTaCAAATTGAACCAActAGGAaTAGCACCCACCAGG...gCAAAGAGAAGAGTGGTG.....	1494
93TH966.8	.....	1496
93TH975.15	.....	1490
92TH011.5	.....	1436
92TH006.5	.....	1487
TN235	.....	1512
TN239	.....C-----	1500
TN241	.....	1381
TN242	.....C-----C-----	1497
TN243	.....	1515
TN244	.....G-----	1402
92TH022.4	.....	1490
93TH976.17	.....	1493
CM240X	.....	1500
CARELO	.....C-----	1510
CAR4017	-----C-----T-----G-----C-----	1507
CAR4071	-----C-----C-----	1492
CARMBA	-----C-----	1471

CONSENSUS-F	AaGTaGTAagaaATtGaaCCacTAGGAgtAGCACCCACCAgg...	GCAAAaAGAcaAGTGGTg.....	1433
BZ163A	-----	.....-A.....	1467
BZ126A	-----	.....-A.....	1472
RJI03	G-----A-----A-----A-----	.....	1116
93BR020.17	-----T-----A-----A-----	.....	1484
93BR029.2	-----G-----T-----A-----	.....-A.....	1475
CA20	-G-----A-----C-----	.....	673
CA16	-G-----A-----	-AC-----C-----G-----	684
CA4	-G-----AG-----A-----	T-----A-----	678
VI354	-----A-----	.....GG-----AG-----	690
AR16	-----G-----	.....	699
AR18	-----	.....	675
CONSENSUS-G	AAGTAGtAaaAATtAAcCcAtAGGAgtAGCACCCACCaG...	GCAAGGAGAAGAGTgGTG.....	1443
LBV217	-----A-----	.....-A.....	1524
RU511B	-----G-----	.....	1344
RU570	-----C-----G-----T-----	.....	1335
92RU131.9	-----G-----	.....	1493
47621	-----G-----A-----	.....	1317
47622	-----A-----A-----C-AT	.....	1347
92UG975.10	-----	.....-A-----	1481
CAR4067	-----A-----A-----C-----	.....	1498
CONSENSUS-H	AAGTAGT?A?A?T?GAACCCTAGGA?TAGCACCCAC?A?G...GCAA?GAGAAGAGTGGTg.....	573	
CA13	-----G-A-A-T-----G-----T-A-----A-----	.....	714
VI557	-----A-G-G-C-----T-----C-G-----G-----	.....	699
CONSENSUS-O	AAGTAGTaagggTAAACCTTTAGTGTgGCACCTACAAAATtgCAAGgCCAatcATAggcAcT?g?aC	1450	
ANT70	-----C---CGT-----G-----A-----A-----A-----	1523	
MVP5180	-----CA-A-----A-----GT-----A-----A-----AA-----T-CAC-----	1550	
VAU	-----A-----A-----A-----	CT-----A-----A-----AT-----	1562
VI686	-----	G-----G-C-----	740
CA9	-----G-A-----	C-----GCT-----	740
CONSENSUS-U	AAGTAGTAaAaaTTgAaCCA?TaGGAGTAGCACCCAC?agG...gCAA??AGA?GAGTGGTg.....	1319	
CAR4081	-----C-----CC-----	.....	1486
Z3	-----C-----C-----	AA-----A-----	1504
GM4	-----G-----G-----C-----A-G-----T-G-----	T-A-----	966
Z1A	-----G-----T-----	T-----GG-----C-----	697
CONSENSUS-A	AaGtaGtaaaaaTtgaaCCacTaGGagTAgcACCCacCccg...GCAAAAaGaAGAGTGGTg.....	1431	
AD_K124A2	-----TC-----A-C-----G-----	.....	1527
DA_MAL	-----G-----C-----AA-----G-----	.....	1524
AD_UG266A2	-----A-----G-C-----TC-----T-----G-----	.....	1503
CA_ZAM184	-----C-A-----AA-----C-----GG-----	.....	1473
GX_VI525A2	-----CA-----T-----A-----GG-----	.....	1551
BF_RJI01.5	-----G-----C-----T-----A-----GG-----	.....	1192
EA_CAR4039	-----G-----C-----A-----	.....	1483
FB_93BR019.10	-----G-----T-----AA-----CA-----	.....	1502
FB_AR15	-----G-----T-----A-----AA-----G-----	.....	678
CD_DI2ACD	-----A-----G-----A-----TC-----A-----G-----	.....	1458
CONSENSUS-CPZ	A?GT?GT????AT?G??CC?TT?TCAGT?GC?CCAACAA?AG?A?AAGGC????A?T???A??ACA???	779	
CPZGAB	-A--A--TCGA--A-AG--T--A----G--A----A--CA-G----ATAC-G-GGC-AG--GAA	1484	
CPZANT	-G--G--AGAG--T-RT--C--G----A--C----C--GN-A----CAGA-A-AAA-CA---C..	1497	

## HIV1 ENV

	gp120 \ / gp41	
CONSENSUS-A	....gagAGAGAaAAAAGAGCa?????gTtGgA...cTgGGAGctgTctTCcTTgGGTtcTTaGGAgCa	1488
U455	.....-----A-----A-----A-----A-----	1554
SF1703	...C-----A-----A-----A-----A-----	1590
IBNG	.....G.....-----A-----A-----A-----	1548
Z321	...C-----A-----A-----T-----A-----	1575
92RW020.5	.....-----A-----A-----A-----A-----	1520
92UG031.7	.....A-----A-----A-----A-----T-----	1571
92UG037.8	.....GTT-----A-----A-----A-----A-----A-----	1556
92RW009.14	.....-----A-----A-----A-----A-----	1562
D687	.....-----A-----A-----A-----A-----	1216
K114	.....-----G-----A-----A-----GC-----T-----G-----	814
L414	...C-----A-----A-----A-----G-----A-----	778
P104	...G-----A-----A-----A-----A-----C-----	764
PZ61	...G-----A-----A-----A-----A-----A-----	767
UG06	TG-----GTT-----A-----A-----A-----C-----A-----	798
CI211	.....-----A-----A-----A-----A-----A-----	756
UG275A	.....-----G-----A-----A-----A-----A-----	1560
UG273A	...C-----A-----A-----A-----A-----A-----	1572
VII191A	...C-----T-----A-----A-----A-----A-----	1569
DJ264A	.....-----G-----T-----A-----A-----A-----	1545
DJ263A	.....-----A-----A-----A-----A-----A-----	1569
DJ258A	.....-----T-----A-----A-----A-----A-----	1554
KENYA	.....-----A-----A-----A-----A-----A-----	1551
CI31	.....-----T-----A-----A-----A-----A-----	765
CI473	.....-----TGT-----A-----A-----A-----A-----	768
CI451	...A-----C-----A-----A-----A-----A-----	750
CI145	.....-----C-----A-----A-----A-----A-----	765
CI3291	.....-----A-----A-----A-----A-----A-----	768
CI3263	...C-----T-----C-----A-----A-----A-----	777
CI201	.....GTTGGA-----A-----A-----A-----A-----	771
CI3271	.....-----G-----A-----A-----A-----A-----	765
CI422	.....-----A-----A-----A-----A-----A-----	765
CI3301	.....-----A-----A-----A-----A-----A-----	768
CA1	.....-----A-----A-----A-----A-----A-----	765
<- RRE or CAR		
CONSENSUS-B	....cagaGagAaAaAAGAgCa.....gtggga??ataGgaGctatgttcctTGGgtTCTTgGgagCA	1494
SF2	.....-----ATAG-----A-----A-----A-----	1572
SF2B13	.....-----ATA-----A-----A-----A-----	1566
LAI	.....-----T-----A-----A-----A-----	1590
HXB2R	.....-----T-----A-----A-----A-----	1575
NY5CG	.....-----GCGC-----C-----A-----	1557
NL43	.....-----T-----A-----A-----A-----	1569
JRCSF	...A-----T-----A-----A-----A-----	1551
JRFL	...A-----G-----A-----A-----A-----	1548
ALA1	...C-----T-----A-----A-----A-----	1554
JH32	.....-----G-----A-----A-----A-----	1611
BAL1	.....-----G-----A-----A-----A-----	1569
YU2	.....-----C-----T-----A-----A-----	1536
BRVA	.....-----C-----T-----A-----A-----	1563
91US005.11	...A-----ACG-----A-----A-----A-----	1598
91US006.10	.....-----C-----A-----A-----A-----	1586
BZ167A	...GA-----G-----A-----A-----A-----	1596
MA208	.....-----G-----A-----A-----A-----	1599
ETR	.....-----G-----A-----A-----A-----	1593
BA1A	.....-----G-----A-----A-----A-----	1569
MN	.....-----CG-----C-----A-----A-----	1578
QZ4589	.....-----ACA-----A-----A-----A-----	1584
CAM1	.....-----GCG-----C-----A-----A-----	1575
ADA	.....-----ACG-----A-----A-----A-----	1566
JFL	...A-----ACG-----A-----A-----A-----	1560
SIMI84	.....-----CTG-----T-----A-----A-----	1575
BCSG3C	...A-----C-----C-----A-----A-----	1584
D31	.....-----CTGC-----G-----A-----	1557
SF162	.....-----ACGC-----A-----A-----	1548
OYI	.....-----ATGC-----A-----A-----	1572
SF33	...A-----GTG-----A-----A-----A-----	1563
CDC42	.....-----ATGC-----A-----A-----A-----	1611
HAN	...G-----ATGC-----A-----A-----A-----	1572

	gp120 \ / gp41	<- RRE or CAR	
CONSENSUS-B	....cagaGagAaAaAAGAgCa.....	gtggga??ataGgaGctatgttcctTGGgtTCTTgGgagCA	1494
ENVVA	.....	ATG-----	1596
RF	....A-----	ACA-----	1602
WMJ22	.....	ACA-----	1548
TB132	.....	.....GC--C--C-----	1518
92BR020.4	....A-----	ACAT-----	1562
92TH014.12	.....	ACG-----	1538
92US711.14	....G-----	G.....G-----	1550
91US712.4	.....	.....T-T-----	1559
92US714.1	.....	ACG-----C-----	1625
92US715.6	.....	-C-----T-----T-----	1565
92US716.6	.....	.....	1538
92HT593.1	.....	GATAG-----	1628
92HT594.10	.....	GCAC-----	1550
92HT596.4	.....	GTAC-----	1571
92HT599.24	.....	GTAC-----C-----	1601
91HT651.11	.....	GACAC-----	1553
RJS	.....	GTG-----	1566
GUN	.....	ACA-----T-----	1462
SC	.....	ACG-----	1575
SBA	.....	.....	803
SBB	....A-----	.....G-C-T-----	830
SBC	.....	.....G-----	797
92BR014.1	....A-----G-----	.....GCAC-----	1568
92TH026.6	.....	ACG-----	1535
92BR021.6	....AG-----	.....ACG-----	1575
ACH9	.....	ACG-----A-----	1452
ACP1	.....	A-A-----ACG-----T-----A-----	1419
JM	.....	--AAC----G-----T-----	1539
WM	....A-----	.....T-----	1470
P896	....A-----	.....G-----	1566
CI223	.....	.....T-----T-----A-----A-----	759
VE1	....	.....	1425
VE2	.....	.....	1434
VE3	....	.....	1356
VE4	.....	.....	1485
VE5	.....	.....	1440
VE6	.....	.....	1467
VE7	.....	.....	1452
VE8	.....	.....	1440
68A	.....	.....T-T-----A-----	1578
HEI3BL	.....	.....ACA-----	81
HEI4BL	.....	.....	78
HEI20BL	.....	....AAC----C-----	78
HEI22BL	....A-----	.....	78
HEI27BL	.....	.....T-C-----	78
HEI28BL	.....	ATGGG--CT--T-T-----	81
RJSP3	....A---C-----	.....ACGC----C-----	1264
US1	.....A-----	.....	1581
US2	.....	....A---C...C-----	1566
US3	.....	.....ACG-----	1584
US4	....A-----G-----	.....C-----T-----A-----	1623
8020	.....	.....	1506
17305	.....	.....	1461
24612	....C-----	.....	1440
26807	....A-----	.....	1494
27290	.....	.....	1476
27481	.....	.....	1440
4995	.....	.....	1440
CM237X	.....	.....ACG-----	1441
91HT652.11	.....	.....G-----ACAC-----	1565
92UG005	....G-A-----	....A-A...C-----T-----A-----	745
3202A12	.....	.....	1587
3202A21	.....	.....GT-----	1575
MANC	.....	.....ATGC-----	1590
WEAU160	.....	.....ATGC-----	1584
SAL1	....G-----	.....GT---A-----	1563

## HIV1 ENV

	gp120 \/ gp41	
CONSENSUS-C	.....gagagaGaaAAaaGAGCA.....??gtgGgA??aTaGgAGCTgTgtTCCTTGGGTTCTgGGAgCa	1488
93MW959.18	.....-----.	1544
93MW960.3	.....-----.	1532
93MW965.26	.....G-----.	1538
92BR025.9	.....-----.	1550
UG268A2	.....-----.	1554
SM145A	.....-----.	1569
D757	.....-----.	1207
D747	.....-----A	1348
D760	.....T-----.	1368
D1044	.....-----.	1195
NOF	.....-----C	1181
SH750	.....ATAG-----C	1218
DLU	.....-----.	1197
D1024	.....-----A	1527
D744	.....G-----C	1242
D766	.....T-----.	1188
D808	.....-----.	1230
D868	.....-----G	1218
ZAM18A	.....AC-----.	1557
ZAM20A	.....C-T-G-G-----.	1635
Z8A1	.....C-----C-----ATA-----G-----A-----.	758
DJ259A	.....G-----C-----C-----A-----.	1503
DJ373A	.....-----C-----C-----C-----.	1536
SE364A	.....-----.	1530
U0GOM	.....-----.	1203
BOOYD	.....-----.	1212
CONSENSUS-D	.....gaAAGAGAAAAGAGCA.....ATAGGA.....cTaGGAGcTaTGTTCCCTGGGTTCTGGGAgcA	1471
ELI	.....-----T-----.	1566
Z2Z6	.....-----.	1566
Z6	.....-----.	1572
NDK	.....-----G-----.	1545
92UG021.16	.....-----G-----T-----.	1526
92UG046.8	.....-----.	1557
92UG024.2	.....C-----G-----.	1556
92UG038.1	.....-----G-----.	1413
43425	.....G-----.	1413
JY1	.....-----T-----G-----.	1596
43424E	.....-----.	1482
UG23	.....G-----.	720
UG269A	.....-----G-----C-----.	1565
UG274A2	.....-----G-----T-----A-----.	1598
SE365A2	.....A-----G-----T-----.	1560
C1132	.....-----T-----.	750
93ZR001.3	.....-----G-----G-----T-----.	1559
GP120AA	.....-----T-----.	1493
CONSENSUS-E	.....GAGAGAGAAAAAGaGCA.....GTGGgA.....ATAGGAGCTATGaTCtTTGGGTTCTTAGGAGCA	1551
93TH966.8	.....-----.	1553
93TH975.15	.....-----.	1547
92TH011.5	.....-----.	1493
92TH006.5	.....-----.	1544
TN235	.....-----A-----.	1569
TN239	.....-----.	1557
TN241	.....-----T-----C-----.	1438
TN242	.....-----.	1554
TN243	.....-----.	1572
TN244	.....-----T-----C-----.	1459
92TH022.4	.....-----.	1547
93TH976.17	.....-----.	1550
CM240X	.....G-----.	1557

	gp120 \ / gp41	
CONSENSUS-F	....aaGAGAGaAAaAAGAGCA?????GTgGGA...aTgGGaGCTtTgtTCcTTGGGTTCTTggGaGca	1490
BZ163A	.....G-----.....-----.....-----A-C--G	1524
BZ126A	.....-----GTA.....-----A-----.....-----A-C--G	1532
RJI03	.....-----C-----A-G-----.....-----	1172
93BR020.17	.....G-----.....C-A-----C-----	1541
93BR029.2	.....-----.....-----.....-----	1532
CA20	.....-----G-----.....-----A-----G-----	730
CA16	.....-----.....C-----G-----A-----	741
CA4	.....C-----G-----.....A-----G-AC-T-----A-----	735
VI354	....G.....ATA--T....G.....G-C-----A---T-	750
AR16	.....-----.....-----.....-----	756
AR18	.....G-----.....-----.....-----	732
CONSENSUS-G	....GGGAGAGAAAAAAGAGCA.....gTTgga...?tgGGAGCTGTctTCcTTGGGTTCTTAGGAGCA	1499
LBV217	.....-----A-----ACT-----	1578
92RU131.9	.....-----C-----T-----	1550
92UG975.10	.....-----G-----C-T-----	1538
CONSENSUS-H	....G??AGAGAAAAAAGAGC?....GT?GGA...CT?G?AGCTGT?TTCCTTGGGTTCTT?GGAGCA	622
CA13	.....GG-----A-----T-----A-G-----C-----A-----	771
VI557	....AA-----T-----G-----G-A-----T-----G-----	756
CONSENSUS-O	t???CATAGaGAAAAGAGCA.....GtAGGa...TTgGgAATGCTATTCTTGGGgTtCTAAGTGCA	1508
ANT70	.....-----.....-----.....-----	1581
MVP5180	CCCT--C-G-----.....-----.....-----G-----	1611
VAU	.....-----G-----.....-----C-T-----C-----A-----	1620
VI686	.....-----G-----.....-----.....-----	798
CA9	-CCT-----.....-----A-----	801
CONSENSUS-U	....?AGAGAGAAAAA?GAGCA...???GTGGG?...ATGGGAGCT?TGTT?CT?GGGTTCTTGGGAGCA	1370
Z3	....G-----A-----.....-----G-----T---T-C-----	1561
Z1A	....C-----C-----ATA-----A-----A-C-----T-----	757
CONSENSUS-A	....gagAGAGAaAAAAGAGCa?????gTtGgA...cTgGGAGctgTctTCcTTgGGTtCTTaGGAgCa	1488
AD_K124A2	.....A-----.....A-A-----.....A-G-----.....G-----	1584
DA_MAL	.....A-----.....A-A-----.....A-----CA-G-----.....G-----	1581
AD_UG266A2	.....A-----.....A-A-----.....A-----G-----.....G-----	1560
CA_ZAM184	.....-----.....-----.....-----.....-----G-----	1530
GX_VI525A2	.....-----A-----	1608
BF_RJI01.5	....C-----.....-----G-----A-A-----A-G-----.....G-----	1249
FB_93BR019.10	....A-----.....-----G-----A-A-----T-G-----.....G-----	1559
FB_AR15	....C-A-----.....G-----ACGA-A-----G-----G-----A--	738
CONSENSUS-CPZ	?....?CAGACA?AAAAGAG??.?....?T?GG?...?T?GG?????T?TTC?T?GG?T?CT?GTGCA	813
CPZGAB	A...GA-----G-----CA...GCCT-C--T...C-G--AGCAC-G---C-T--GT-C--GG-----	1545
CPZANT	....TC-----A-----GC.....A-T--A...A-A--GCTGT-C---T-G--TC-T--CA-----	1554

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	GCAGGAAGcACtATgGGCGGgcGTCAaTaACGCTGACGGtACAgccAgacaTTAtTGTctGGtATAG	1558
U455	--T-----A-	1624
SF1703	--C-----	1660
IBNG	-----CG-----	1618
Z321	-----	1645
92RW020.5	-----C-----	1590
92UG031.7	-----	1641
92UG037.8	-----T---A-----	1626
92RW009.14	-----C-----	1632
D687	-----C-----	1286
K114	-----C-----	884
L414	-----A-----C-----C-----A-----C-----	848
P104	-----G-----	834
PZ61	-----CG-----	837
CI211	-----C-----	826
UG275A	-----C-----	1630
UG273A	-----C-----	1642
VII191A	-----A-----C-----	1639
DJ264A	-----A-----	1615
DJ263A	-----	1639
DJ258A	-----C-----	1624
KENYA	-----C-----	1621
CI31	-----C-----	835
CI473	-----C-----	838
CI451	-----C-----	820
CI145	-----A-----A-----C-----C-----	835
CI3291	-----C-----	838
CI3263	-----G-----A-----	847
CI201	-----C-----	841
CI3271	-----	835
CI422	-----	835
CI3301	-----C-----	838
CA1	-----C-----	835
/ < RRE primary binding site > /		
CONSENSUS-B	GCAGGAAGcACtATGGgCgcagcgtaatgaCgcTgAcGGTACaggcCAGacaatTattgtCtggTatAG	1564
SF2	-----T-----T-----	1642
SF2B13	-----CG-----A-----	1636
LAI	-----CG-----	1660
HXB2R	-----	1645
NY5CG	-----G-----A-----A-----	1627
NL43	-----TGCA-----A-----	1639
JRCSF	-----CG-----A-----	1621
JRFL	-----A-----T-----	1618
ALA1	-----CG-----	1624
JH32	-----G...G-----T-----	1678
BAL1	-----G-----T-----	1639
YU2	-----A-----	1606
BRVA	-----CC-----T-----	1633
91US005.11	-----G--G-----	1668
91US006.10	-----G-----T-----	1656
BZ167A	-----C-----	1666
ETR	-----G-----G-----C-----	1663
BA1A	-----T-----	1639
MN	-----G-----T-----	1648
QZ4589	-----C-----T-----	1654
CAM1	-----T-G-C-----A-----	1645
ADA	-----A-----T-----	1636
JFL	-----G-----T-----	1630
SIMI84	-----G-----	1645
BCSG3C	-----T-----	1654
D31	-----CG-----G-----	1627
SF162	-----CG-----C-----	1618
OYI	-----CG-----G-----	1642
SF33	-----A-----A-----C-----	1633
CDC42	-----A-----G-----	1681
HAN	-----CG-----C-----	1642

	/ <- RRE primary binding site -> /	
CONSENSUS-B	GCAGGAAGcACtATGGgCgcagcgtaatgaCgcTgAcGGTACaggcCAGacaatTattgtCtggTatAG	1564
ENVVA	-----GC-----	1666
RF	-----GC-----A-----A-----C-----	1672
WMJ22	-----GC-----C-----	1618
TB132	-----x-----C-----C-----C-----	1588
92BR020.4	-----G-----G-----	1632
92TH014.12	-----A-----G-----	1608
92US711.14	-----G-----T-----A-----	1620
91US712.4	-----C-----T-----	1629
92US714.1	-----C-----T-----	1695
92US715.6	-----AG-----	1635
92US716.6	-----C-----T-----	1608
92HT593.1	-----TT-----	1698
92HT594.10	-----	1620
92HT596.4	-----	1641
92HT599.24	-----	1671
91HT651.11	-----T-----	1623
RJS	-----G-----G-----	1636
GUN	--C-----G-----A-----	1532
SC	-----TA-----	1645
SBA	-----A-----T-----	873
SBB	-----T-----C-----	900
SBC	-----A-----T-----	867
92BR014.1	-----C-----	1638
92TH026.6	-----A-----T-----G-----	1605
92BR021.6	-----CG-----A-----C-CT-----GGA-CCGA-GT--CA	1643
P896	-----CG-----G-----G-T-----	1636
CI223	-----T-----G-----T-----	829
68A	-----G-----G-----G-----	1648
HEI3BL	-----T-----	151
HEI4BL	-----A-----	148
HEI20BL	-----A-----	148
HEI22BL	-----C-----	148
HEI27BL	-----T-----G-----T-----	148
HEI28BL	-----T-----G-T-----	151
RJSP3	-----	1270
US1	-----C-----	1651
US2	-----A-----	1636
US3	-----A-----G-T-----	1654
US4	-----G-----	1693
CM237X	-----A-----G-----	1511
91HT652.11	-----G-----	1635
92UG005	-----G-----C-----A--G-----	815
3202A12	-----CG-----A-----	1657
3202A21	-----A-----	1645
MANC	-----CG-----A-----	1660
WEAU160	-----T-----	1654
SAL1	-----	1578

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	GCAGGAAgCACTATgGgcGCggcgTCAA	TaaCgcTGACGGtACaggcCAGACA	AatTgtTGTcTGgtATAG	1558
93MW959.18	-----G-G-----	-A-----	C-----T-----C-----	1614
93MW960.3	-----	-----	C-----	1602
93MW965.26	-----	-----	A-----	1608
92BR025.9	-----A-A-----	-----	A-----G-----	1620
UG268A2	-----A-A-----	-----	A-----	1624
SM145A	-----	-----	C-----	1639
D757	-----A-----G-----	-----	-----	1277
D747	-----G--CG-----	-----	-----	1418
D760	-----	-----	AC-----	1438
D1044	-----	-----C-CT---	-----	1245
NOF	-----C-----	-----	C-----	1251
SH750	-----A-----G-----C-----	G-----	G-A-----	1288
DLU	-----T-----A-----	-----	C-----	1267
D1024	-----	-----	-----	1569
D744	-----	-----	-----	1254
D766	-----	-----	-----	1200
D808	-----	-----	-----	1272
D868	-----C-----	-----	-----	1230
ZAM18A	-----	-----C-----	G-----	1627
ZAM20A	-----	-----C-G-----	G-----	1705
Z8A1	-----T---TT-----	...A-----	A-----C-----	824
DJ259A	--C-----A-A-----	-----	A-----	1573
DJ373A	--C-----A-A-----	-----	A-----	1606
SE364A	-----A-----	-----	-----	1600
U0GOM	-----A-----	-----	C-C-----	1273
BOOYD	-----A-----G-G-----	-----	C-----	1282
CONSENSUS-D	GCAGGAAGCACgATGGGCGCAGcGTCa?	TGaCgCTGACGGtACAGGCCAGACagt	TAtTGTCTGGtATAG	1540
ELI	-----CG-----G-----	-----A-----A-----	-----	1636
Z2Z6	-----CG-----T-----	-----	-----	1636
Z6	-----G-----	-----	A-----	1642
NDK	-----G-----	-----	A-----	1615
92UG021.16	-----GC-----	-----	C-----	1596
92UG046.8	-----A-----	-----	-----	1600
92UG024.2	-----A-----C-----	-----C-A-----	-----	1626
JY1	-----T-----G-----G-A-----G-----	-----A-----	-----	1666
UG269A	-----A-----C-----	-----AG-----	C-C-----	1635
UG274A2	-----A-----	-----G-----	-----	1668
SE365A2	-----A-----G-----	-----C-----	-----	1630
CI132	-----A-----	-----T-----C-----	-----	820
93ZR001.3	-----G-----	-----AG-----	-----	1629
CONSENSUS-E	gcAgGaagCactATGGGCGCggCGTCAATAACGCTGACGGTACAGGCCAGaCAATT	AtTGTCTGGTATAG	1621	
93TH966.8	-----A-----	-----	G-----	1623
93TH975.15	-----	-----	G-----	1617
92TH011.5	-----C-----	-----	-----	1536
92TH006.5	-----	-----	-----	1614
TN235	-----	-----	-----	1639
TN239	-----	-----	-----	1627
TN241	TA-A-CTT-TAG-	-----	-----	1451
TN242	-----	-----	-----	1624
TN243	-----	-----	-----	1642
TN244	TA-A-CTT-TAG-	-----	-----	1472
92TH022.4	-----	-----	-----	1617
93TH976.17	-----	-----	-----	1620
CM240X	-----	-----	-----	1627

CONSENSUS-F	GCAGGAAAGCACTATGGGCGCgGCGTCaATAACGCTGACGGtACAGGCCAgACAATTAtTgTCTGg?ATAG	1559
BZ163A	-----A-----	1594
BZ126A	-----AA-----	1602
RJ103	-----	1182
93BR020.17	--T-----A-----	1611
93BR029.2	-----A-----G-----C-----	1602
CA20	-----	800
CA16	-----A-----A-----T-----	811
CA4	-----	805
VI354	--C-----	820
AR16	-----A-----A-----	826
AR18	-----A-----	802
CONSENSUS-G	GCAGGAAAGCACTATGGGCGCgGCGTCaATAACGCTGACGGtACAGGCCAgACAATTAtTgTCTGGCATAG	1569
LBV217	--T--G-----G-----C-----G-----	1648
92RU131.9	-----C-----	1620
92UG975.10	-----G-----	1608
CONSENSUS-H	GCAGG?AGCACTATGGGCGCAGCGTCA?T?ACGCTGACGGTACAGGC?AGACAATTATTGTCTGG?ATAG	687
CA13	-----A-----A-----A-----T-----C-----	841
VI557	-----G-----G-----C-----T-----	826
CONSENSUS-O	GCAGGtAGCACTATGGGCGCAGCGCAACAgCgCTGaCGGTACaGaCCCACacTtTgATAG	1578
ANT70	-----A-----G-----C-----	1651
MVP5180	-----G-----G-G-AC-----	1681
VAU	-----A-----G-----GCA-C---A-----	1690
VI686	-----A-----G-----A-----	868
CA9	-----A-----G-----	871
CONSENSUS-U	GC?GGAAGCACTATGGGCGC?CGTCAAT?CGCTGACGG?ACAGGCCAGACAATTAT?GTCT?GTA??G	1430
Z3	--C-----GG-----GG-----C-----T-----G-----TA-----	1631
Z1A	--A-----A-----AA-----T-----A-----GT-----	824
CONSENSUS-A	GCAGGAAAGCACTATgGGCGCggcGTCAaTaACGCTGAcGGtACAggcccAgacaTTAtTGTCTGGtATAG	1558
AD_K124A2	-----G-----A-----G-----G-----A-----	1654
DA_MAL	-----G-----A-----C-----G-----C-----	1651
AD_UG266A2	-----G-----A-----C-G-----TG-----	1630
CA_ZAM184	-----A-----	1600
GX_VI525A2	-----T-----C-----	1678
BF_RJ101.5	-----TA-T-----	1264
FB_93BR019.10	-----G-----A-----	1629
FB_AR15	-----A-----G-----G-----	808
CONSENSUS-CPZ	GC?GG?AG?AC?ATGGGCGCAGCG?CA?TA?CGCTGACGG?ACAG?CC?G??A?TTG?T???GGTAT?G	864
CPZGAB	--A--A--C--T-----G--G--A-----T-----G--C-AC-G---C-GTCG---A-	1615
CPZANT	--T--C--T--A-----T--A--G-----C-----A--A-GA-T---Y-CCAT-----T-	1624

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	TgCaacAGCAgagcAAtt tgCt gaggGCTATagAGGctCAACAAcAtcTgTTgaaaCTCACgGTCTGGGG	1628
U455	-----C-----G-----T-----	1694
SF1703	-----A-----	1730
IBNG	-----AA-----	1688
Z321	-----G-----A-----C-----G-----A-----	1715
92RW020.5	-----A-----G-----A-----G-----	1660
92UG031.7	-----A-----G-----G-----	1711
92UG037.8	-----A-----G-----T-----	1696
92RW009.14	-----A-----G-----A-----A-----A-----	1702
D687	-----C-----T-----	1356
K114	-----A-----A-----A-----G-----A-----	943
L414	-----GT-----C-----A-----	898
P104	-----G-----C-----	884
PZ61	-----G-----CAGT-A-T	861
CI211	-----A-----T-----G-----	888
UG275A	-----A-----A-----G-----	1700
UG273A	-----A-----A-----G-----A-----	1712
VII191A	-----G-----C-----A-----T-----C-G-----T-----	1709
DJ264A	-----	1685
DJ263A	-----	1709
DJ258A	-----	1694
KENYA	-----A-----	1691
CI31	-----A-----	897
CI473	-----A-----	900
CI451	-----	882
CI145	-----A-----	897
CI3291	-----A-----AT-----G-----	900
CI3263	-----C-----A-----A-----G-----	909
CI201	-----	903
CI3271	-----C-----A-----	897
CI422	-----A-----A-----	897
CI3301	-A-----C-----G-----A-----G-----	900
CA1	-----G-----GAT-----A-----	897
CONSENSUS-B	TgCAAAGAGAACAAATTGCTGAggGCtATtgAggcgCAacAgCatcTgTtgcAaCTcACaGTCTGGGG	1634
SF2	-----A-----	1712
SF2B13	-----A-----	1706
LAI	-----G-----	1730
HXB2R	---G-----	1715
NY5CG	-----A-----	1697
NL43	-----G-----	1709
JRCSF	-----A-----A-----	1691
JRFL	-----	1688
ALA1	-----	1694
JH32	-----A-----A-----GC-----	1748
BAL1	-----C-----	1709
YU2	-----C-----C-----	1676
BRVA	-----C-----T-----A-----G-----T-----	1703
91US005.11	-----G-----A-----A-----	1738
91US006.10	-----A-----	1726
BZ167A	-----A-----	1736
ETR	-----	1733
BA1A	-----C-----	1709
MN	-----C-----A-----	1718
QZ4589	-----C-----G-----G-----	1724
CAM1	-----C-----	1715
ADA	-----	1706
JFL	-----A-----	1700
SIMI84	-----G-----	1715
BCSG3C	-----	1724
D31	-----	1697
SF162	-----A-----	1688
OYI	-----G-----C-----	1712
SF33	-----C-----A-----	1703
CDC42	-----A-----A-----A-----	1751
HAN	-----A-----A-----A-----	1712

CONSENSUS-B	TgCAaCAgCAgAacAAttTGCTGAggGCtATtgAggcgCAacAgCatcTgTtgcAaCTcACaGTCTGGGG	1634
ENVVA	-----	1736
RF	-A-----	1742
WMJ22	-----T-----	1688
TB132	-C-----	1658
92BR020.4	-C-A-----CA-----G-----	1702
92TH014.12	-GA-----	1678
92US711.14	-C-A-----A-----	1690
91US712.4	-G-----A-----	1699
92US714.1	-CC-----	1765
92US715.6	-A-----A-----	1705
92US716.6	-----A-----	1678
92HT593.1	-----A-----G-----	1768
92HT594.10	-G-----	1690
92HT596.4	-G-----	1711
92HT599.24	-----A-----C-----G-----	1741
91HT651.11	-----G-----	1693
RJS	-C-----	1706
GUN	-A-----A-----A-----	1602
SC	-----	1715
SBA	-C-----	943
SSB	-C-A-----	970
SBC	-----	937
92BR014.1	-----C-AA-----G-----	1708
92TH026.6	-GA-----	1675
P896	-G-C-----A-----	1706
CI223	-A-----A-----	891
68A	-CC-A-----	1718
HEI3BL	-----	221
HEI4BL	-----A-A-----	218
HEI20BL	-----A-----A-----	218
HEI22BL	-----A-----	218
HEI27BL	-A-----A-C-----	218
HEI28BL	-----CG-A-----	221
US1	-----	1721
US2	-----	1706
US3	-G-A-----A-----A-----	1724
US4	-----A-C-----G-----	1763
CM237X	-GA-----	1581
91HT652.11	-----G-----	1705
92UG005	-A-----A-----	885
3202A12	-A-----	1727
3202A21	-----	1715
MANC	-C-----	1730
WEAU160	-----CG-----	1724

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	TGCAaCAGcAaAgcAATT TGCTGAggGCtATAGAGGcgCaaCAgCATaTgtTGCAACTCACggTCTGGGG	1628
93MW959.18	-----T---C--C-----	1684
93MW960.3	-----G-----	1672
93MW965.26	-----	1678
92BR025.9	-----A-----	1690
UG268A2	-----A-----	1694
SM145A	-----T-----A-----	1709
D757	-----C-----	1347
D747	-----C-----A-----	1488
D760	-----C-----	1508
NOF	-----A-----	1321
SH750	-----	1358
DLU	-----CG-----	1337
ZAM18A	-----A--C-----C-----	1697
ZAM20A	-----A-----A-----	1775
Z8A1	-----G-----C-----A-----T-----A-----	869
DJ259A	-----G-----	1643
DJ373A	-----A-----T-----T-----A-----	1676
SE364A	-----A-----	1670
U0GOM	-----A-----	1343
BOOYD	-----T-----A-----A-----	1352
CONSENSUS-D	TgCAA CAGCAA ACAATT TGCTGAGg GCTATAg AGGCGCAACAgCAtc TGTTGCAACTCAC?GTcTGGGG	1609
ELI	-----G-----	1706
Z2Z6	-----G-----	1706
Z6	-----G-----	1712
NDK	-----G-----	1685
92UG021.16	-----T-----A-----T-----	1666
92UG024.2	-----C-----A-----	1696
JY1	-----A-----A-----	1736
UG269A	-----A-----A-----	1705
UG274A2	-----A-----A-----	1738
SE365A2	-----G-----	1700
C1I32	-----G-----	882
93ZR001.3	-----T-----A-----	1699
CONSENSUS-E	TGCAA CAGCAa AGCA ATT TGCTGAg GGCTATAg AGGGCGCAg CAgCAtc TGTTGCAACTCACAGTCTGGGG	1691
93TH966.8	-----G-----	1693
93TH975.15	-----	1687
92TH006.5	-----	1684
TN235	-----	1709
TN239	-----	1697
TN242	-----A-----A-----	1694
TN243	-----R-----W-----A-----	1712
92TH022.4	-----A-----	1687
93TH976.17	-----	1690
CM240X	-----	1697

CONSENSUS-F	TGCAACAGCAgAacAATTGCTGAggGCtATtGAaGCGCAACAGCATCTGTTGCAgCTCACaGTCTGGGG	1629
BZ163A	-----GT---C-----	1664
BZ126A	-----C-----	1672
93BR020.17	-----G---C-----	1681
93BR029.2	-----T-----	1672
CA20	-----A-G-----A-----A-----A-----	862
CA16	-----A-----A-C-A-----	873
CA4	-----T-----A-----A-----	867
VI354	-----A-G-----A-----A-----	882
AR16	-----	888
AR18	-----	864
CONSENSUS-G	TGCAACAGCAAAGCAATTGCTGAGaGCTATAGAgGCGCAgCAGCATCTGTTGCAaCTCACAGTCTGGGG	1639
LBV217	-----A-----G-----A-A-----	1718
92RU131.9	-----	1690
92UG975.10	-----A-----G-----	1678
CONSENSUS-H	TGCAACAGCAAAG?AATTTGCTG??GCTATA?AGGC?CAACAGCAT?TGTTGAA?CTCAC?	740
CA13	-----T-----AGG-----G-----T-----C-----A-----A-----	903
VI557	-----C-----CAA-----C-----A-----A-----G-----G	888
CONSENSUS-O	TGCAACAGCAGGAcAACCTGCTaAGAGCaATACAGGCCAGCAacAaTTGCTGAGGctATCTgTATGGGG	1648
ANT70	-----G-----R-----	1721
MVP5180	-----G-----G-----	1751
VAU	-----T-----C-----C-----	1760
VI686	-----G-----	930
CA9	-----G-----	933
CONSENSUS-U	TGCGCAGCAGAAAACAATTGCTGAGGGCTATAGAGGCCAACAGCATCTGTTGCAACTCACAGTCTGGGG	1500
Z3	-----	1701
CONSENSUS-A	TgCaacAGCAgagCAAttgCtgaggGCTATAGGGctCAACAAcAAtcTgTTgaaaCTCACgGTCTGGGG	1628
AD_K124A2	-----A-A-----T-----G-----G-----C-----A-----	1724
DA_MAL	-----A-A-----G-----G-----C-----	1721
AD_UG266A2	-----A-A-----T-----G-----G-----A-----C-----A-----	1700
CA_ZAM184	-----A-----A-----G-----	1670
GX_VI525A2	-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----	1748
FB_93BR019.10	-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----C-G-----A-----	1699
FB_AR15	-----A-----C-----A-----T-----G-----G-----A-----C-----A	870
CONSENSUS-CPZ	T?CA?CA?CAG??AATCTG?TG?AAGC?ATAGAG?C?CA?CA?CA?CT??T?CA?CT?TC?TCTGGGG	913
CPZGAB	-G--G--A---AAT----T--A---A---G-T--A--G--C--AT-G--A--A--AA-----	1685
CPZANT	-A--A--G---GCC----C--C---C---A-A--G--A--T--GC-A--G--C--GG-----	1694

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	CATTAACAGCTCCAGGCAAGTCCTGGCTGTGGAAAGATACCTaaggGAT...CAACAGCTCCTAGGA	1695
U455	-----CA-----	1761
SF1703	-----A-----	1797
IBNG	-----C-----	1755
Z321	-----A-----	1782
92RW020.5	-----C-----	1727
92UG031.7	-----C-----	1778
92UG037.8	-----	1763
92RW009.14	-----	1709
D687	-----A-----	1423
UG275A	-----	1767
UG273A	-----A-----	1779
VII191A	-----C-----	1776
DJ264A	-----C-----	1752
DJ263A	-----C-----T-----	1776
DJ258A	-----C-----T-----	1761
KENYA	-----	1758
RRE or CAR ->/		
CONSENSUS-B	CATcAAgCAgCTCCAGgCAAGagTCcTgGCTgTgGAAAGaTacctaaagGAt?..CaaCAGCTCcTgggg	1701
SF2	-----G-----	1779
SF2B13	-----G-----	1773
LAI	-----A-----	1797
HXB2R	-----A-----	1782
NY5CG	-----	1764
NL43	-----A-----	1776
JRCSF	-----	1758
JRFL	-----GG-----	1755
ALA1	-----G-----	1761
JH32	-----A-----	1815
BAL1	-----G-----	1776
YU2	-----G-----	1743
BRVA	-----A-----C-----	1770
91US005.11	-----G-----	1805
91US006.10	-----C-----	1793
BZ167A	-----A-----	1759
ETR	-----A-----	1800
BA1A	-----G-----	1776
MN	-----	1785
QZ4589	-----A-----G-----C-----A-----	1791
CAM1	-----	1782
ADA	-----C-----G-----	1773
JFL	-----C-----	1767
SIMI84	-----C-----	1782
BCSG3C	-----	1791
D31	-----G-----	1764
SF162	-----	1755
OYI	-----	1779
SF33	-----GA-----	1770
CDC42	-----A-----	1818
HAN	-----G-----	1779

	RRE or CAR ->/	
CONSENSUS-B	CATcAAgCAgCTCCAGgCAAGagTCcTgGCTgTgGAAAGaTacctaaagGAt?..CaaCAGCTCcTgggg	1701
ENVVA	-----A-----.....-----A-----	1803
RF	-----A-----.....-----A-----	1809
WMJ22	-----A-----A-----G-----A-----	1755
TB132	-----T-A-----.....-----A-----	1725
92BR020.4	-----A-----A-----GG-----	1769
92TH014.12	-----.....-----A-----	1745
92US711.14	-----G-----.....-----A-----	1757
91US712.4	-----.....-----	1766
92US714.1	-----.....-----A-----	1832
92US715.6	-----.....-----GA-----	1772
92US716.6	-----.....-----	1745
92HT593.1	-----A-----.....-----A-----	1835
92HT594.10	-----A-----A-----.....-----A-----	1757
92HT596.4	-----A-----A-----.....-----A-----	1778
92HT599.24	---T--A-----.....-----A-----	1808
91HT651.11	-----A-----.....-----G-----A-----	1760
RJS	-----.....-----T-----.....-----A-----	1773
GUN	-----.....-----A-A-----T-----G-----.....-----A-----	1669
SC	-----.....-----G-----.....-----	1782
SBA	-----.....-----G-G-----.....-----	1010
SBB	-----.....-----C-----.....-----	1037
SBC	-----.....-----G-G-----.....-----	1004
92BR014.1	-----.....-----	1715
92TH026.6	-----A-----.....-----	1682
P896	-----.....-----C-----.....-----G-----A-----A-----A-----	1773
68A	-----.....-----A-----.....-----A-----	1785
HEI3BL	-----.....-----	288
HEI4BL	---T-----.....-----	285
HEI20BL	-----.....-----A-----.....-----A-----A-----	285
HEI22BL	-----.....-----	285
HEI27BL	-----.....-----	285
HEI28BL	-----A-----A-----.....-----	288
US1	-----A-----A-----.....-----C-----.....-----A-----	1789
US2	-----A-----.....-----T-----.....-----	1773
US3	-----.....-----	1791
US4	-----A-----C-----A-----.....-----A-----	1830
CM237X	-----.....-----	1648
91HT652.11	-----A-----.....-----C-----.....-----G-----A-----	1772
92UG005	---T--A-----.....-----C-----.....-----A-----A-----	952
3202A12	-----.....-----A-----.....-----	1794
3202A21	-----.....-----	1782
MANC	-----.....-----A-----.....-----C-----.....-----A-----	1797
WEAU160	-----A-----.....-----	1791

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	cATTAAGCAGCTcCaGaCAAGAGTCcTGGCTATaGAAAGaTACCTaaaGGAt...	1695
93MW959.18	-----G-----C-----	1751
93MW960.3	-----G-----G-----	1739
93MW965.26	-----G-----G-----	1745
92BR025.9	-----T-----G-----	1757
UG268A2	-----C-----G-----	1761
SM145A	-----G-G-----T-----G-----	1776
D757	-----	1414
D747	G-----G-----A-----	1555
D760	-----	1575
NOF	-----T-----	1377
SH750	-----	1418
DLU	-----T-----	1397
ZAM18A	-----T-----G-----	1764
ZAM20A	-----G-----C-----	1842
DJ259A	-----T-----T-----	1710
DJ373A	-----G-----	1743
SE364A	-----	1737
U0GOM	-----G-----T-----	1403
BOOYD	-----T-----	1412
CONSENSUS-D	CATTAAACAGCTCCAgGCAAGAgTCCTGGCTGTgGAaAGaTACCTAAAGGAT...CAAACAGCTCCTaGGa	1676
ELI	-----A-----	1773
Z2Z6	-----A-----A-G-----	1773
Z6	-----A-----A-G-----	1779
NDK	-----G-----	1752
92UG021.16	-----A-----C-----	1733
92UG024.2	-----C-----	1763
JY1	-----C-----	1803
UG269A	-----C-----GG-----G-----G-----	1772
UG274A2	-----A-----	1805
SE365A2	-----A-----G-----	1767
93ZR001.3	-----C-----	1766
CONSENSUS-E	CATTAAACAGCTCCAGGCAAGAGTCcTgGCTGTGGAAAGaTACCTAAAGGAT...CAAACAGtTCCTaGGA	1758
93TH966.8	-----	1760
93TH975.15	-----	1754
92TH006.5	-----G-----	1751
TN235	-----	1776
TN239	-----G-----	1764
TN242	-----	1761
TN243	---Y--R-----Y-R-----C---R---	1779
92TH022.4	-----	1754
93TH976.17	-----	1757
CM240X	-----	1764

**HIV1 ENV**

CONSENSUS-F	CATTAaACAGCTCCAGGCAAGA <del>g</del> T <del>C</del> CTGGC <del>t</del> G <del>T</del> GGAAAGATA <del>CC</del> TA?AGGAT...CAACAGCTCCTAGG?	1694
BZ163A	-----C-----C-----A-----	1731
BZ126A	-----C-----A-----G-----	1739
93BR020.17	-----A-----G-----	1748
93BR029.2	---C---A-----A-----G-----	1739
CONSENSUS-G	CATTAACAGCTCCAGGCAAGAGT <del>C</del> CTGGC <del>t</del> gTAGAAA <del>g</del> aTACCTAaagGAT...CAACAGCTCCTAGG	1706
LBV217	-----C-----A-----	1785
92RU131.9	-----AG-----A-----	1757
92UG975.10	-----C-----GA-----	1745
CONSENSUS-O	TATTAGACAACTCCGAGCTCGCCTG <del>c</del> TAGCCTAGAAC <del>C</del> T <del>T</del> aTACAGAAT...CAGCAACTCCTaAaC	1715
ANT'70	---C-----AC-----G-----	1788
MVP5180	-----A-----C-----G-----	1818
VAU	-----T-----	1827
CONSENSUS-U	CATTAACAGCTCCAGGCAAGAGT <del>C</del> CTGGCTGTGGAAAGATA <del>CC</del> TAGAGAGT...CAACAGCTCCTAGGG	1567
Z3	-----	1768
CONSENSUS-A	CATTAACAGCTCCAgGC <del>A</del> aG <del>A</del> gTC <del>C</del> TTGGC <del>t</del> gTGGAAAGaTACCTaaggGAT...CAACAGCTCCTAGGA	1695
AD_K124A2	-----C-----A-----	1791
DA_MAL	-----CA-----G-----	1788
AD_UG266A2	-----C-----A-----	1767
CA_ZAM184	-----C-----A-----CA-----G-----	1737
GX_VI525A2	-----A-----T-----A-----C-----G-----	1815
FB_93BR019.10	-----A-----	1766
CONSENSUS-CPZ	AGTAAAACA <del>A</del> CT?CA?GC?AGA?TGCTTGC?GT?GA?A?GTACCT? ? ? GAT...CA?CA??T??TG?GC	962
CPZGAB	-----A--A--C---T-----T--A--A-G-----GCAG-----G--GA-TC--G--	1752
CPZANT	-----C--G--A---A-----A-C--G-A-----AAGA-----A--AC-AT--A--	1761

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	ATTTGGGGcTGCTCTGGaAAacTCATCTGCaCCACTAaTGTgCCcTGGAAActctAGtTGG.....	1755
U455	-----G-----C-----	1821
SF1703	-----	1857
IBNG	-----C---A-----C-----	1815
Z321	-----A-----A-----C-----T-----C---C-----	1842
92RW020.5	-----	1787
92UG031.7	-----T-----	1838
92UG037.8	-----	1823
D687	-----C---A-----	1483
UG275A	-----	1827
UG273A	-----C-----	1839
VII191A	-----A-----C-----C-----A---C-----	1836
DJ264A	-----C---A-----G-----	1812
DJ263A	-----A-----	1836
DJ258A	-----C---A-----	1821
KENYA	-----A-----	1818
CONSENSUS-B	aTttGGgGtTGCTCTGGAAactcaTtTGCaCCACTgctGTGCctTGGAAtgctAgtTGG.....	1761
SF2	-----C-----A-----	1839
SF2B13	-----	1833
LAI	-----	1857
HXB2R	-----	1842
NY5CG	-----C---A-----	1824
NL43	-----	1836
JRCSF	-----A-----	1818
JRFL	-----	1815
ALA1	-----A-----	1821
JH32	-----	1875
BAL1	-----C-----	1836
YU2	-----A-----A-----	1803
BRVA	-----	1830
91US005.11	-----A-----	1865
91US006.10	-----	1853
ETR	-----GT---C-----A-----	1860
BA1A	-----	1836
MN	T-----A-----	1845
QZ4589	-----C---A-----CA-----	1851
CAM1	-----C-----	1842
ADA	-----C-----	1833
JFL	-----A-----	1827
SIMI84	-----G-----A-----	1842
BCSG3C	-----	1851
D31	-----T-----	1824
SF162	-----	1815
OYI	-----G-----A-----	1839
SF33	-----A-----A-----	1830
CDC42	T-----	1878
HAN	-----C---A-----	1839

CONSENSUS-B	aTttGGgGtTGCTCTGGAAactcaTtTGCaCCACTgctGTGCctTGGAAAtgctAgtTGG.....	1761
ENVVA	-----	1863
RF	-A-----A-----	1869
WMJ22	-----A-----C-----	1815
TB132	-C-----A-----CA-----	1785
92BR020.4	--C-----A-----CA-----	1829
92TH014.12	-----	1805
92US711.14	-----A-----A-----	1817
91US712.4	-----AA-----AAG-C-----	1826
92US714.1	-C-----A-----	1892
92US715.6	-C-----A-----	1832
92US716.6	-----A-----A-----	1805
92HT593.1	-----A-----A-----	1895
92HT594.10	-A-----A-----	1817
92HT596.4	-A-----A-----	1838
92HT599.24	-----C--C---G-----C-----	1868
91HT651.11	-C-----T-----T-----	1820
RJS	-----A-----	1833
GUN	-----C-----A-----A-----	1729
SC	-----A-----A-----	1842
SBA	--A-----	1070
SBB	-----	1097
SBC	--A-----C-----T-----	1064
P896	-----T-----T-----	1833
68A	-----C-----A-----	1845
HEI3BL	-G-----	348
HEI4BL	-----A-----A-----	345
HEI20BL	-G-----	345
HEI22BL	-----AA-----A-----	345
HEI27BL	-----A-----A-----	345
HEI28BL	-----A-----	348
US1	-G-----A-----	1849
US2	-----C-----A-----	1833
US3	-----C-----A-----A-----	1851
US4	-----A-----CT-----	1890
CM237X	-----AA-----	1708
91HT652.11	-----T-----T-----	1832
92UG005	--C-----A-----AA-----GC-----CT-----C-----	1012
3202A12	-----	1854
3202A21	-----C-----	1842
MANC	-----C-----T-----	1857
WEAU160	-----C-----A-----	1851

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	aTtTGGGGCtGCTCTGGAAAACtCATCTGCACCAActgctGTgcCTTGGAAcActC?AGtTGG.....	1754
93MW959.18	-----G-----T-----.....	1811
93MW960.3	T-G-----CA-----C-----.....	1799
93MW965.26	--G-----.....	1805
92BR025.9	-----A-----T-----.....	1817
UG268A2	-----.....	1821
SM145A	-----A-----C-----.....	1836
D757	-----C-----AA-----C-C-----.....	1474
D747	-----A-----A-----C-----.....	1615
D760	--G-----A-----C-----.....	1635
ZAM18A	-----C-----T-----C-----.....	1824
ZAM20A	-----.....	1902
DJ259A	-----AA-----G-T-----.....	1770
DJ373A	-----T-----.....	1803
SE364A	-----T-----.....	1797
CONSENSUS-D	attTGGGGTTGCTCTGGaAaaCacATTTGCaCCACTAatGTgCCCTGGAAcTCTAGtTGG.....	1736
ELI	-----.....	1833
Z2Z6	-----T-----C-----.....	1833
Z6	-----T-----C-----T-----.....	1839
NDK	-----GG-----A-----.....	1812
92UG021.16	-----T-----.....	1793
92UG024.2	G-----G-----C-----GG-----C-----.....	1823
JY1	-----.....	1863
UG269A	-----G-----.....	1832
UG274A2	--A-----C-----C-----.....	1865
SE365A2	-----G-----.....	1827
93ZR001.3	-G-----G-G-----.....	1826
CONSENSUS-E	CTTTGGGGcTGCTCTGGAAAACtCATCTGCACCACTGCTGTGCCCTGgAAcTCCaCTTGG.....	1818
93TH966.8	-----T-----.....	1820
93TH975.15	-----.....	1814
92TH006.5	-----.....	1811
TN235	-----A-----.....	1836
TN239	-----T-----.....	1824
TN242	-----T-----.....	1821
TN243	-----Y-----.....	1839
92TH022.4	-----.....	1814
93TH976.17	-----.....	1817
CM240X	-----.....	1824

CONSENSUS-F	CTTTGGGGCTGCTCTGGAAAActCATCTGCACCACTaATGTGCCCTGGAACCTAGTTGG.....	1754
BZ163A	-----	1791
BZ126A	-----	1799
93BR020.17	-----	1808
93BR029.2	-T-----G-----	1799
CONSENSUS-G	ATTTGGGGCTGCTCTGGAAAActCATCTGCaCCACTAAATGTGCCCTGGAACaCTAGTTGG.....	1766
LBV217	-----T-----	1845
92RU131.9	-C-----	1817
92UG975.10	-----G-----	1805
CONSENSUS-O	CTaTGGGGCTGtAAaggaAaaCTAaTCTGcTACACATCAGTAAaTGGAAtA?AaCATGG??AGGA.....	1778
ANT'70	-G---G-----G-----AT-----	1854
MVP5180	-----T-----C-C-T-----TC-----	1884
VAU	--G-----C-GAAT-G-----G-----A-----GG-----	1893
CONSENSUS-U	CTTTGGGGCTGCTCTGGAAAActCATCTGCACCACTACTGTGCCCTGGAACCTAGCTGG.....	1627
Z3	-----	1828
CONSENSUS-A	ATTTGGGGCTGCTCTGGaAAacTCATCTGCaCCACTAAtGTgCCcTGGAACtctAGtTGG.....	1755
AD_K124A2	-T-----A-----T-----C-----	1851
DA_MAL	--G-----T-----A-----T-----ATT-----T-----	1848
AD_UG266A2	-----T-----A-----T-----G-----C-----	1827
CA_ZAM184	-----C-----	1797
GX_VI525A2	-----TA-----	1875
FB_93BR019.10	C-----T-----	1826
CONSENSUS-CPZ	CT?TGGGG?TG?CTG??AAGG???CTGT?A?AC?ACGGTGCCTTGGAA?AA?TC?TGG?????????	1006
CPZGAB	--G----C-CT--GA---CTGT---T-T--C-----C-C-T---CCTGGG....	1818
CPZANT	--C----T--TG--AC---TGAC---C-C-T-----T--T--C---GTAAACTTCA	1831

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	.....AGt...AATAAatCt?a?agtGA?ATATGGgAtAAcATGACcTGGcTgcAATG	1802
U455	.....-----C-GGAG-C-----A-----	1871
SF1703	.....-----G-A-C-G-----A-----	1907
IBNG	.....-----A-TTT-A-C-----A-A-----	1865
Z321	.....-----C-G---T---C-A-----AG-----	1892
92RW020.5	.....-----ATG-A-G-----T-T-----	1837
92UG031.7	.....-----T-C---G-----	1888
92UG037.8	.....-----G-A-A-G-----A-----	1873
D687	.....-----A-CT-T-C-----	1533
UG275A	.....-----CC-G-T-C-----	1877
UG273A	.....-----C-A-G-----	1889
VII91A	.....-----T-TGA-T-A-C-----	1886
DJ264A	.....-----A-T-T-A-C-----G-----	1862
DJ263A	.....-----A-T-T-A-C-----	1886
DJ258A	.....-----A-TTT-A-C-----	1871
KENYA	.....-----C-G-G-----	1868
CONSENSUS-B	.....AGt???AaTAAatctggat?agATTTgg?ataAcatGACcTGgaTggAgTG	1809
SF2	.....-----AG-C-G-----C-----	1889
SF2B13	.....-----A-AG-C-G-----C-----	1883
LAI	.....-----AC-A-----	1907
HXB2R	.....-----AC-A-C-C-----	1892
NY5CG	.....-----A-G-----	1874
NL43	.....-----AC-A-----	1886
JRCSF	.....-----AGT-A-----	1868
JRFL	.....-----AG-A-----	1865
ALA1	.....-----A-C-G-----	1871
JH32	.....-----AG-A-G-----	1925
BAL1	.....-----A-A-G-----A-----	1886
YU2	.....-----A-G-A-G-----T-A-----A-----	1853
BRVA	.....-----AG-G-C-G-----	1880
91US005.11	.....-----T-A-GGGCA-G-----G-C-----	1915
91US006.10	.....-----A-AA-C-G-----C-----	1903
ETR	.....-----T-TA-G-A-G-----	1910
BA1A	.....-----A-A-G-----	1886
MN	.....-----G-T-A-----C-----	1895
QZ4589	.....-----G-AA-AG-G-T-G-----	1901
CAM1	.....-----A-A-T-----	1892
ADA	.....-----A-AT-G-----	1883
JFL	.....-----G-AAA-----C-----	1877
SIMI84	.....-----C-A-C-G-----	1892
BCSG3C	.....-----A-C-G-T-C-----	1901
D31	.....-----A-AT-A-----	1874
SF162	.....-----C-A-----	1865
OYI	.....-----A-G-G-----C-----	1889
SF33	.....-----A-A-T-----	1880
CDC42	.....-----A-C-A-----	1928
HAN	.....-----A-C-C-A-----	1889

CONSENSUS-B	.....AGt???AaTAAatctctggat?agATTGgg?ataAcATGACcTGgaTggAgTG	1809
ENVVA	.....-----AC-----A-----C---	1913
RF	.....-----A-AT-----A-----C---	1919
WMJ22	.....-----A-A-C-A-----G-----C-----	1865
TB132	.....-----G-----A-----A--	1835
92BR020.4	.....-----C-----G-C-----ACA-----	1879
92TH014.12	.....-----A-----A-T-----T-----	1855
92US711.14	.....-----T-----A-----GG-----	1867
91US712.4	.....-----C-----C-G-----C-----	1876
92US714.1	.....-----AA-----AC-C-----G-----C-----	1942
92US715.6	.....-----AT-----C-----C-G-----C-----	1882
92US716.6	.....-----C-----GGG-----C-----	1855
92HT593.1	.....-----AG-G-----G-----C-----	1945
92HT594.10	.....-----G-----AA-A-----A-----	1867
92HT596.4	.....-----G-----AA-A-----A-----	1888
92HT599.24	.....-----G-----C-GT-T-----A-----A-----	1918
91HT651.11	.....-----C-----GC-----A-----T-A-----	1870
RJS	.....-----A-GG-----G-----	1883
GUN	.....-----A-AC-A-----G-----T-----	1779
SC	.....-----T-----CA-----GG-----	1892
SBA	.....-----C-----G-----C-----	1120
SSB	.....-----A-G-T-----G-----C-----	1147
SBC	.....-----C-----A-----C-----	1114
P896	.....-----G-----G-T-----A-----	1883
68A	.....-----AT-----A-----	1895
HEI3BL	.....-----A-----CA-G-----G-----	398
HEI4BL	.....-----A-----C-----A-----	395
HEI20BL	.....-----A-----CC-----A-----	395
HEI22BL	.....-----G-----A-G-C-----GG-----C-----T-C-----	395
HEI27BL	.....-----A-----C-----G-----A-----C-----	395
HEI28BL	.....-----A-----A-----A-----	398
US1	.....-----A-----A-----C-----A-----T-----	1899
US2	.....-----C-----A-----G-----	1883
US3	.....-----A-----G-----	1901
US4	.....-----AC-G-----G-----T-----	1940
CM237X	.....-----A-----A-----T-----	1758
91HT652.11	.....-----C-----GC-----A-----T-A-----	1882
92UG005	.....-----A-----GG-----A-----	1062
3202A12	.....-----G-----G-----C-----	1904
3202A21	.....-----A-----A-----	1892
MANC	.....-----AC-----GG-----C-----	1907
WEAU160	.....-----G-----A-----T-C-----A-----	1901

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	.....	AgT . . AAtAaatCTcaaaaagAtATTTGGgAtAACaTGACcTGGATgcAgTG	1804
93MW959.18	.....	-TC-----G-----	1861
93MW960.3	.....	-A--C-----C-----	1849
93MW965.26	.....	-A-T-C-T-----A-----	1855
92BR025.9	.....	-G-----G-G-----A-----	1867
UG268A2	.....	-T-GGG-----	1871
SM145A	.....	-G-A-----G-----A-----A-----A-----	1886
D757	.....	-C-G-----C-----	1524
D747	.....	-C-G-----C-----	1665
D760	.....	-C-G-----C-----	1685
ZAM18A	.....	-G-----C-----	1874
ZAM20A	.....	-C-----A-T-CG-T-----A-----	1952
DJ259A	.....	-GG-----G-G-----A-----	1820
DJ373A	.....	-G-G-----G-----C-----	1853
SE364A	.....	-T-G-G-----T-----	1847
CONSENSUS-D	.....	AGT . . AATAgATCTCTAgatgagATTTGGca?AACATGACCTGGATgGAGTG	1785
ELI	.....	-A-----G-----	1883
Z2Z6	.....	-A-----C-----G-----	1883
Z6	.....	-A-----C-----G-----	1889
NDK	.....	-G-----	1862
92UG021.16	.....	-A-----G-G-----	1843
92UG024.2	.....	-A-----GGT-----	1873
JY1	.....	-A-----G-----A-T-----A-----	1913
UG269A	.....	-G-----T-----	1882
UG274A2	.....	-G-----A-T-----	1915
SE365A2	.....	-A-----AC-----A-----	1877
93ZR001.3	.....	-AGC-----T-----	1876
CONSENSUS-E	.....	AGT . . AATAgATCTttTGAAGAgATTTGGAAcAACATGACatGGAtAGAATG	1868
93TH966.8	.....	-G-----	1870
93TH975.15	.....	-C-----	1864
92TH006.5	.....	-C-----	1861
TN235	.....	-A-----	1886
TN239	.....	-T-----	1874
TN242	.....	-M-----	1871
TN243	.....	-A-----A-----C-----	1889
92TH022.4	.....	-A-----A-----C-----	1864
93TH976.17	.....	-A-----A-----C-----	1867
CM240X	.....	-C-----	1874

**HIV1 ENV**

CONSENSUS-F	.....AGT...	aAtAAATCTCagGAGgAGAtTGGG?GAACATGACCTGGATGGAgTG	1803
BZ163A	.....-----	-A-----A--	1841
BZ126A	.....-----	-A-----	1849
93BR020.17	.....-----	TT-----G-----	1858
93BR029.2	.....G-C-----	A---C---G-----	1849
CONSENSUS-G	.....AGt...	AATAAAAtCTTtTaAtGAgAttTGGGAtAACATGACCTGGATAgAATG	1816
LBV217	.....-C-----	-A----C-----	1895
92RU131.9	.....-----	-A-----	1867
92UG975.10	.....-----	-AG--A-G-G-----C---	1855
CONSENSUS-O	.....??????ataAtGAAag?	ATTTGGGAcactTaACATGGCAGcAaTG	1817
ANT'70	.....-C-----C-----	-C-----G-----	1892
MVP5180	.....AGATATA--G--C-T-----	C-T-----	1931
VAU	.....G-----TCA-----	TG-G-----G--	1934
CONSENSUS-U	.....AGT...	AATAAATCCTTGGTAACACTTGGACAATCTGACCTGGATGGAGTG	1677
Z3	.....-----	-----	1878
CONSENSUS-A	.....AGt...	AATAaAtCt?a?agtGA?ATATGGgAtAAcATGACcTGGcTgcAATG	1802
AD_K124A2	.....-----	CTACAG--G-CT-----AA-G-G--	1901
DA_MAL	.....-----	G-----CTAGA--C-T--A---T-----A---G--	1898
AD_UG266A2	.....-----	CTAGAA--G-T--A-----A--G-G--	1877
CA_ZAM184	.....-----	GA--C-GGA--G-T---C-A-----T-----	1847
GX_VI525A2	.....-----	CT-T-A--C-T-----A--G-----	1925
FB_93BR019.10	.....-----	GGA--C-GGAG--C-----GC-----A-A--G--	1876
CONSENSUS-CPZ	?????????????????A?C...A????????A?A?A????ATTTGGG??AAT?T?ACATGGCA?AATG	1035	
CPZGAB	.....-G-----AT...TCC-C-G-TGAC-----GG--C-A-----GC---	1865	
CPZANT	CGCAAAACATGTGCAAAG-A...-GCAGTGAT-T-C-ATGT-----AA---A-G-----AG---	1898	

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	GGAtAAaGAAaTtagcAaTTACACAgacaTAATATATAat...	CTAaTTGAaGAatCgcagAacCaGCAG	1869
U455	---G-----T-G-----G-----C-A.....G-----	-----T-----G-----	1938
SF1703	-----G-----	-----G-----	1974
IBNG	-----G-----	-----G-----	1932
Z321	-----G-----C-AG-----C.....C-----	-----C-----	1959
92RW020.5	-----C-A.....	-----	1904
92UG031.7	-----A-----AC-----G.....C-----	-----A-----	1955
92UG037.8	-----C-----G-G.....A-----	-----A-----	1940
D687	-----A-A-----GC-----GG.....C-----	-----G- AGC-----	1600
UG275A	-----G-----A-A-----GC-----GG.....C-----	-----	1944
UG273A	-----T-----A-----G-----G-----	-----G-----	1956
VII191A	-----GA-----C-AT-----GG.....	-----	1953
DJ264A	-----	-----	1929
DJ263A	-----G-----G-----	-----	1953
DJ258A	-----	-----C-----A-----	1938
KENYA	-----	-----C-----	1935
CONSENSUS-B	GgAaAgaGAAaTtgacAatTAcACAagcttaATAtacacc...	tTAaTtgaagaatCgCAGaacCAA CAa	1876
SF2	-----A-AC-----C-----	-----	1956
SF2B13	-----A-----A-AC-----C-----	-----	1950
LAI	-----C-----A-----C-TT-----A-----G-----	-----A-----G-----	1974
HXB2R	-----C-----A-----C-T-----A-----G-----	-----A-----G-----	1959
NY5CG	-----G-----G-----T-----	-----T-----	1941
NL43	-----C-----A-----C-T-----A-----G-----	-----A-----G-----	1953
JRCSF	-----A-----G-----A-AC-----C-----T-----	-----T-----	1935
JRFL	-----	-----GA-----C-----	1932
ALA1	-----	-----G-----A-----	1938
JH32	-----	-----A-----	1992
BAL1	-----C-----A-----A-----G-----	-----	1953
YU2	-----CA-A-----T-----C-----	-----	1920
BRVA	-----T-----A-----T-----G-C-----A-T-----	-----	1947
91US005.11	-----G-----G-----C-----A-CG-----A-----G-----	-----	1982
91US006.10	-----G-----	-----	1970
ETR	-----A-----A-----A-----T-----G-----	-----T-----G-----	1977
BA1A	-----C-----A-----A-----T-G-----	-----	1953
MN	-----	-----T-A-----C-A-----A-----A-C-----	1962
QZ4589	-----T-----A-----AA-C-----C-----G-G-----	-----	1968
CAM1	-----G-----A-----	-----	1959
ADA	-----C-A-----G-----	-----	1950
JFL	-----G-----AG-----C-----	-----	1944
SIMI84	-----G-----G-----GA-----G-----	-----	1959
BCSG3C	-----A-----GA-----A-----G-----	-----	1968
D31	-----	-----	1941
SF162	-----G-----A-----	-----	1932
OYI	-----	-----CA-----	1956
SF33	-----	-----C-----A-----	1947
CDC42	-----C-----CA-----T-----A-----	-----A-----	1995
HAN	-----	-----T-----C-----A-----	1956

CONSENSUS-B	GgAaAgaGAAaTtgacAatTAcACAagcttaATAtacacc...	tTAaTtgaagaatCgCAGaacCAAaCAA	1876
ENVVA	-----A-----A-----G-----.	-----.	1980
RF	-----G-----A-----A-----C-----	-----G-----	1986
WMJ22	-----A-----G-----.	-----G-----	1932
TB132	-----A-----G-----C-----C-A-r-----	-----GG-----G	1902
92BR020.4	-A-----T-----.	-----.	1946
92TH014.12	-----AGA-----.	-----.	1922
92US711.14	-----G-----.	-----G-----	1934
91US712.4	-----T-G-----GA-G-----.	-----G-----A-----	1943
92US714.1	-----A-----A-----T-----C-----	-----.	2009
92US715.6	-----A-----T-----A-----T-----A-----	-----.	1949
92US716.6	-----T-----G-----.	-----A-----	1922
92HT593.1	-----.	-----A-----G-----	2012
92HT594.10	-----G-----T-----.	-----G-----	1934
92HT596.4	-----G-----T-----G-----.	-----G-----	1955
92HT599.24	-----GA-A-----G-----A-----G-----	-----.	1985
91HT651.11	-----T-----A-----.	-----G-----	1937
RJS	-----G-----A-----G-----C-----	-----.	1950
GUN	---G-----G-----A-----T-----A-----G-----	-----.	1846
SC	-----.	-----.	1959
SBA	-----A-----A-----A-----A-----	-----.	1187
SSB	---C-----A-----A-----GAT-C-----CAA-----A-----	-----.	1214
SBC	-----A-----A-----A-----A-----A-----	-----.	1181
P896	-----GA-----AT-----TGA-----C-----A-----A-C-----	-----.	1950
68A	---G-----G-----A-----A-----C-----A-----	-----.	1962
HEI3BL	---C-----C-----.	-----G-----	465
HEI4BL	-----T-----GA-----T-----A-----.	-----A-----	462
HEI20BL	---G-----A-----T-----A-----A-----.	-----C-----	462
HEI22BL	---C-----A-T-----A-A-----.	-----C-----C-----A-----	462
HEI27BL	-----.	-----.	462
HEI28BL	---T-----A-----G-----.	-----C-----	465
US1	---AG-----A-----.	-----A-----	1966
US2	-----A-AC-----C-----CT-----G-----	-----.	1950
US3	---C-----A-----CA-----C-----A-----	-----.	1968
US4	-----G-----T-----G-----AT-----.	-----AT-G-A-A-----G-----	2007
CM237X	-----AGA-----.	-----.	1825
91HT652.11	-----T-----.	-----G-----G-----	1949
92UG005	-----G-TA-----A-----C-----A-----ACT-----G-----	-----.	1129
3202A12	-----G-----A-AC-----GA-----C-----A-----G-G-----	-----.	1971
3202A21	---C-----G-----AG-----G-----.	-----A-----.	1959
MANC	-----A-----A-----G-----.	-----C-----A-----T-----	1974
WEAU160	---G-----A-----G-----A-----.	-----.	1968

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	GGAtAgaGAAATTAgTAATTacaCAgacacAAATAcagg...?TTGCTTGAAGacTCgCAAACAGCAG	1871
93MW959.18	-----T-----A-----	1928
93MW960.3	-----A-----	1916
93MW965.26	-----	1922
92BR025.9	-----A-----G-----	1935
UG268A2	-----T-----GA-----A-----	1938
SM145A	-----A-----T-----	1953
D757	-----	1591
D747	-----A-----	1732
D760	-----G-----A-T-----	1752
ZAM18A	-----	1941
ZAM20A	-----A-----TT-----	2019
DJ259A	---G-A-----T-----T-A-----G-----	1887
DJ373A	-----A-----T-----A-----T-----C-----	1920
SE364A	-----A-----AGT-T-----C-----A-----	1914
CONSENSUS-D	GGAAAGaGAAATTgaCAAtTACACAGG?tTAATATAcAgc...TTaATTGAagAaTCgCAAACCCAGCAA	1851
ELI	-----C-----T-----G-----G-----	1950
Z2Z6	-----C-----T-A-----	1950
Z6	-----C-----T-A-----	1956
NDK	-----C-----	1929
92UG021.16	-----G-----T-----T-----T-----T-----	1910
92UG024.2	-----AG-----G-----T-AT...-----G-----T-----	1940
JY1	-----C-----TG-----A-T-A-----T-----	1980
UG269A	-----T-----G-----	1949
UG274A2	-----G-----C-----A-----	1982
SE365A2	-----C-----T-----G-----	1944
93ZR001.3	-----T-----A-----A-G-----	1943
CONSENSUS-E	GGAgAGAGAAATTAGCAATTAcACAAACCaAATATATGAG...ATACTtACagAATCGCAgaACCAGCAG	1935
93TH966.8	-----G-----A-----	1937
93TH975.15	-----T-----	1931
92TH006.5	-----G-----G-GA-----G-----	1928
TN235	-----	1953
TN239	-----A-----G-----	1941
TN242	-----A-----G-----	1938
TN243	-----R-----	1956
92TH022.4	-----T-----	1931
93TH976.17	-----G-----	1934
CM240X	-----	1941

CONSENSUS-F	GgAAAAaGAGaTTAGCAATTACTCAaAcGAaaTATAcAGG...TTAATTGAAgAaTC?CAGAACCGAG	1869
BZ163A	-C-----T-G-----A-A-----	1908
BZ126A	-----G-----T-G-----C-A-----	1916
93BR020.17	-----G-----A-----C-G-----	1925
93BR029.2	-----T-----G-G-----	1916
CONSENSUS-G	GGA?AGgGAAATTACAAATACACAcCaAATATAcAA...CTGcTtGAAgAATCGCAGA?CCAgCAG	1881
LBV217	---A-----C-----TC...-----C-----T-----	1962
92RU131.9	---G-A-----T-----A-A-----A-----	1934
92UG975.10	---C-----A-T-----A-C-----C-----A	1922
CONSENSUS-O	GGAtCaaCAGATAAaCAAAGTAAGCTCCatcATATATGA?...gAAATACAAGagGCACAAGaaCAAAG	1883
ANT'70	----GG-----G-----A-----C-----G-----A-----T-----G-----	1959
MVP5180	---C-----C-----T-----T-----CA-----C-----	1998
VAU	-----T-----A-----A-----	2001
CONSENSUS-U	GGATAGAGAAATTAGCAATTACACACAAGTAATATATGGG...TTGCTGAAGACTCACAAAACAGCAG	1744
Z3	-----	1945
CONSENSUS-A	GGAtAAaGAAaTtagcAaTTACACAgacaTAATATATAat...CTAaTTGAAgAaattCgcagAacCaGCAG	1869
AD_K124A2	---A-G-----GA-----T-----GGT-----C-GC...T-----A-----A-C-----A	1968
DA_MAL	---A-----G-----C-C...T-----A-T-----A	1965
AD_UG266A2	---A-G-----GA-----GGT-----C-GC...T-----AGT-----A	1944
CA_ZAM184	---C-----A-----CC-G...---C---G-C-----	1914
GX_VI525A2	---A-GG-----C-----A-ACA-----C-GC...-----T-----	1992
FB_93BR019.10	---A-----G-----T-----A-GA-----C-GG...T-----G-----A-----	1943
CONSENSUS-CPZ	GGA?A?ATTAGT????AA?T??ACAGG??A?AT?T?T??T...?T?TTA?A???AGCACA????CAACAA	1076
CPZGAB	---T-A-----GTCT--C-AC---GA-A--T-T-GG...C-G---G-GGA-----ATCA-----	1932
CPZANT	---C-G-----ACAG--T-CA---AC-G--A-A-AA...A-C---C-AAT-----TGAG-----	1965

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	GAAAagAATGAAcaaGAcTTaTTGGcATTGGACaAgTGGgcAaaTCTgTGgAaTTGGTTgACATatCAA	1939
U455	-----T-----A-----A-----C-----	2008
SF1703	-----A-----	2044
IBNG	-----G-----G-----A-----	2002
Z321	-----TA-----AGG-----G-----A-----	2029
92RW020.5	-----T-G-----G-----	1974
92UG031.7	-----	2025
92UG037.8	-----A-----A-----	2010
D687	-----A-----G-----G-----A-----	1670
UG275A	-----A-----G-----G-----	2014
UG273A	-----G-----G-----	2026
VII191A	-----G-----G-----	2023
DJ264A	-----A-----A-----A-----A-----	1999
DJ263A	-----C-A-----G-----A-----	2023
DJ258A	-----A-----GG-----G-----A-----	2008
KENYA	-----A-----	2005
CONSENSUS-B	GaaaAgAaTgAacaaGAatTatTggaaTTtagAtaaaTGGcaagttTgTGgaaTTGGtttaacATAaCaa	1946
SF2	-----A-----G-----G-----G-----	2026
SF2B13	-----G-----G-----	2020
LAI	-----	2044
HXB2R	-----	2029
NY5CG	-----G-----G-----G-----	2011
NL43	-----	2023
JRCSF	-----	2005
JRFL	-----	2002
ALA1	-----	2008
JH32	-----GG-----CT-----	2062
BAL1	-----A-----G-----	2023
YU2	-----C-----G-----	1990
BRVA	-----A-----A-----C-----G-----C-----	2017
91US005.11	-----G-----AC-----G-----G-----C-----	2052
91US006.10	-----	2040
ETR	-----C-----C-----AC-----G-----	2047
BA1A	-----A-----C-----G-----G-----	2023
MN	-----G-----G-----	2032
QZ4589	-----G-----A-----G-----G-----G-----C-----	2038
CAM1	-----A-----C-----G-----CG-----G-----	2029
ADA	-----C-----A-C-----G-----G-----G-----T-----	2020
JFL	-----T-----G-----G-----A-----G-----	2014
SIMI84	-----C-----C-----A-----G-----CG-----G-----	2029
BCSG3C	-----	2038
D31	-----GA-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----	2011
SF162	-----A-----G-----G-----G-----T-----	2002
OYI	-----G-----G-----G-----G-----G-----	2026
SF33	-----G-----G-----G-----G-----G-----	2017
CDC42	-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-G-----	2065
HAN	-----G-----G-----G-----A-G-----T-----	2026

CONSENSUS-B	GaaaAgAaTgAacaaGAatTatTggaaTTagAtaaaTGGcaagttTgTGcaaTTGGtttaacATAaCaa	1946
ENVVA	-----G-----G-----G-----G-----	2050
RF	-----G-----A-----G-----C-----	2056
WMJ22	-G-----A-----G-----C-----G-----	2002
TB132	-----T---T---C-----G-----G-----	1972
92BR020.4	-----G-----G-----AC-----C-----T-----	2016
92TH014.12	-----T-----G-----G-----G-----	1992
92US711.14	-----G-----G-----C-C-----	2004
91US712.4	-----A-----G-----G-----C-----	2013
92US714.1	-----A-----G-----G-----G-----	2079
92US715.6	-----G-----G-----G-----	2019
92US716.6	-----G-----G-----G-----	1992
92HT593.1	-----G-----G-----G-----A-----G-G-----	2082
92HT594.10	-----C-----G-----G-----T-----	2004
92HT596.4	-----C-----G-----G-----T-----	2025
92HT599.24	-----G-----A-----C-G-----GT-----	2055
91HT651.11	-----A-----G-----G-----T-----G-----	2007
RJS	-----C-----G-----CG-----G-----T-----	2020
GUN	-----T-----G-----G-----G-----	1916
SC	-----G-----G-----G-----	2029
SBA	-----C-----G-----G-----G-----	1257
SSB	-----C-----A-G-----G-G-----G-----T-----	1284
SBC	-----A-----G-----G-----G-----	1251
P896	-----A-----G-----G-----	2020
68A	-----G-----C-----A-----G-----G-----	2032
HEI3BL	-----T-----G-----AC-CC-----G-----	535
HEI4BL	-----C-----A-----G-----G-----	532
HEI20BL	-----C-----GA-----A-----G-----C-----GG-----T-----	532
HEI22BL	-----C-----G-----C-----G-----T-----	532
HEI27BL	-----G-----G-----	532
HEI28BL	-----A-----G-----C-----	535
US1	--C-----G-----A-----G-----G-----	2036
US2	-----G-----A-----G-----G-----C-----	2020
US3	-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----	2038
US4	-----C-----G-----G-----G-----T-----	2077
CM237X	--T-----T-----G-----G-----G-----	1895
91HT652.11	--A-----G-----G-----T-----G-----	2019
92UG005	-----C-----C-----G-----C-----G-----	1199
3202A12	-----G-----G-----G-----G-----	2041
3202A21	-----G-----G-----G-----G-----	2029
MANC	-----G-----G-----G-----G-----	2044
WEAU160	--A-----G-----G-----T-----G-----	2038

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	GAaaaAAATGAAaAaGAt tTAtTAGCATTGGACAgTGGaaaAaTCTgTGGAAaTTGGTTT?aCATAaCAA	1940
93MW959.18	--G-----C-----G-----	1998
93MW960.3	-----T-----A-----	1986
93MW965.26	--G-----C-----A-----	1992
92BR025.9	--C-G--C-----AG---C-----C-----GG-----	2005
UG268A2	--G-----C-----AA---C-----G-----G-----	2008
SM145A	-----C-----GG---G-----G-----	2023
D757	-----G-----AG-----	1661
D747	-----G-----AG-----	1802
D760	-----G-----AG-----	1822
ZAM18A	--G-----C-----A-----G-----	2011
ZAM20A	--C-----G-----AG---T-T-----G-----T-----	2089
DJ259A	--G-----C-----AA---C-G-----AG-----	1957
DJ373A	--GC-----C-----AA---C-----G-----G-----	1990
SE364A	--G-----C-----A-----C-----A-----	1984
CONSENSUS-D	GAAAagAATGAacAaGAatTaTTggaATTgGAcAaAaTGGGCAAGTtTGTGGAATTGGTTtagCATAACAA	1921
ELI	-----A-----G-----G-----C-----	2020
Z2Z6	-----G-----A-----C-----	2020
Z6	-----G-----A-----C-----	2026
NDK	-----A-----	1999
92UG021.16	-----A---A---C-----C-C-----	1980
92UG024.2	--A-G--TC---A-----GA-----	2010
JY1	--A-----CC---C-----	2050
UG269A	--A-----C---C-----	2019
UG274A2	-----C---C-----T-----G-----	2052
SE365A2	--G-----C-----G-----GA-----	2014
93ZR001.3	--G-----T---C-----C-----	2013
CONSENSUS-E	GACAGgAATGAAAAGGAtTTGTTAGaattGGATAAaTGGGCAAGtCTGTGGAaTTGGTTtGACATAACAA	2005
93TH966.8	-----G-----	2007
93TH975.15	-----A-----G-----A-----	2001
92TH006.5	-----A-----C-----G-----	1998
TN235	-----A-----A-----	2023
TN239	-----	2011
TN242	-----G-----C-----	2008
TN243	-----C-----G-----	2026
92TH022.4	-----C-----	2001
93TH976.17	-----	2004
CM240X	-----	2011

**HIV1 ENV**

CONSENSUS-F	GAAAAGAATgAACAAAGaATTATTgGCATTGGACAAATGGGCAAGTCTGTGGAATTGGTTgaCATaTCAA	1939
BZ163A	-----G-----	1978
BZ126A	-----	1986
93BR020.17	-A-----A-----	1995
93BR029.2	-----	1986
CONSENSUS-G	GAAAAGaATGAAcAAGACTTATTgGCATTGGACAgTGGgcAAGt cTGTGGAgTTGGTTAgCATAtCAA	1951
LBV217	-----A---A---CT-----A--C	2032
92RU131.9	-G-----C-----A-----C-----	2004
92UG975.10	-----G-----A-----A-----	1992
CONSENSUS-O	GAaaAaAATGagAAAgaaTTGcTGGAGt TAGATGAATGGGCCTCTaTTTGAATTGGcTTGACATAACTA	1953
ANT'70	---C-----A-G-----	2029
MVP5180	---G---TA---C---T---C-----C-----T-----	2068
VAU	--G-----	2071
CONSENSUS-U	GAAAAGAGTGAAAAAGATTTACTGGAATTGGATAAGTGGCAAGTCTGTGGAACTGGTTGGCATAACAA	1814
Z3	-----	2015
CONSENSUS-A	GAAAagAATGAAcaaGAcTTaTTGGcATTGGACaAgTGGgcAaaTCTgTGgAaTTGGTTTgaCATatCAA	1939
AD_K124A2	-----GC-----ACA-----A-----G-T-----AG-----A---	2038
DA_MAL	-----A-G-----A-----	2035
AD_UG266A2	-----A-----CA-----A-----G-T-----A-----A-C	2014
CA_ZAM184	-----G-----A-----A-----T-----A-----	1984
GX_VI525A2	-----A-----A-----G-T-----A-----	2062
FB_93BR019.10	-----A-----A-----G-----	2013
CONSENSUS-CPZ	GAGA?AAAT?AAA?GGA??TAT?GAA?T?GA?AATGG??C??TT?TGGAAATTGGTTGACATAACA?	1128
CPZGAB	----A---G---G---CC---TG---T-G---TC---GC---AGC---G-----A	2002
CPZANT	----G---A---A---AT---AT---C-A---CA---AG-TCA---A-----C	2035

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	a?TGGCTgTGGTATATaAgaaTATTtaTAATgATAGTAGGAGGctTaATAGGaTTAAGaATAgTTtTTgC	2008
U455	-T-----T---C----G---A-----A-	2078
SF1703	-G-----G-----	2114
IBNG	-T-----A-----A-----T-----T-----	2072
Z321	-T-----A-----A-----G-----	2099
92RW020.5	GG-----A-----	2044
92UG031.7	-C-----A-----A-----A-----	2095
92UG037.8	-C-----A-----C-----	2080
D687	-A-----A-----T-G---T-----	1740
UG275A	-C-----C-----	2084
UG273A	-T-----C-----C-----	2096
VII191A	-T-----T-G---T-----	2093
DJ264A	-A-----A-----C-----T-----G-----C-----	2069
DJ263A	-A-----A-----C-----T-----T-----G-----	2093
DJ258A	-C-----A-----T-----T-----T-----	2078
KENYA	-C-----A-----A-----	2075
CONSENSUS-B	A?TGgcTgtGGTatATaAaaaTaTTCATAATgATAGTAGGaaGGcTTggTAAAGaaTAgttTTtgC	2015
SF2	-C-----G-----	2096
SF2B13	-C-----	2090
LAI	-T-----	2114
HXB2R	-T-----T-----	2099
NY5CG	-G-----T-AA-----A-----	2081
NL43	-T-----T-----	2093
JRCSF	-A-----A-----T-----	2075
JRFL	-A-----A-----C-----A-----	2072
ALA1	-C-----G-----T-----	2078
JH32	-C-----G-----A-----A-----A-----	2132
BAL1	-A-----A-----T-----	2093
YU2	-A-----A-----T-----	2060
BRVA	-C-----G-----A-----	2087
91US005.11	-A-----G-----AC-----	2122
91US006.10	-A-----A-----A-----	2110
ETR	-A-----A-----A-----	2117
BA1A	-A-----A-----T-----	2093
MN	-T-----	2102
QZ4589	-G-----AA-----	2108
CAM1	-T-----A-----T-AA-----A-----	2099
ADA	-T-----C-----A-----A-----A-----	2090
JFL	-C-----C-----T-A-----	2084
SIMI84	-A-----T-AA-----A-----	2099
BCSG3C	-C-----A-----A-----	2108
D31	-C-----	2081
SF162	-A-----T-A-----G-----A-----	2072
OYI	-C-----G-----A-----	2096
SF33	-C-----G-----A-----A-----	2087
CDC42	-A-----A-----A-----	2135
HAN	-T-----A-----	2096

CONSENSUS-B	A?TGgcTgtGGTatATaAaaaTaTTCATAATgaTAgTAGGaaGGcTTggTAGGttTAAGaaTAgttTTtgc	2015
ENVVA	-A-----G-----G-----T	2120
RF	-A-----G-----C---A-----	2126
WMJ22	-T-----A-----A-----	2072
TB132	-C---S-----A-----A-----A-----	2042
92BR020.4	-A-----C-----	2086
92TH014.12	-A-----	2062
92US711.14	-C-----C-----A-----	2074
91US712.4	-A-----	2083
92US714.1	-T-----A-----C---A-----	2149
92US715.6	-C-----A-----AT-----	2089
92US716.6	-C-----C-----G-----AT-----	2062
92HT593.1	-C-----	2152
92HT594.10	-G---A-----A-----	2074
92HT596.4	-A-----	2095
92HT599.24	-A-----T-----A---A-----	2125
91HT651.11	-A-----	2077
RJS	-C-----G-----T---A-----G-----	2090
GUN	-C-----T---AA-----	1986
SC	-T-----A-----A-----	2099
SBA	-T-----G-----A-----	1327
SSB	-A-----	1354
SBC	-T-----A-----A-----G-----	1321
P896	-C-----G-T-----A-----	2090
68A	-C-----G-T-----AA-----	2102
HEI3BL	-A-----	605
HEI4BL	-T-----A-----	602
HEI20BL	-A---A-AG-----A-----T---AA-----A-----A-----	602
HEI22BL	-C-----G-----	602
HEI27BL	-C-----A-----	602
HEI28BL	-A-----A-----A-----A-----	605
US1	-T-----A-----	2106
US2	-C-----A-----AA-----	2090
US3	-A-----A-----A-C-----A-----	2108
US4	-C-----G-----A-----	2147
CM237X	-A-----	1965
91HT652.11	-A-----	2089
92UG005	-A-C-----G-----A-----A-----	1269
3202A12	-C-----G-----A-----	2111
3202A21	-A-----	2099
MANC	-C-----T-----A-----	2114
WEAU160	-C-----C-----A-----A-----	2108

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	A?TGGCTgTGGTATATAAaAATATTCAATAATgATAGTAGGaGGCTTgATAGGTTTaAgAATAAtTTTGc	2009
93MW959.18	-T-----	2068
93MW960.3	-A-----	2056
93MW965.26	-C-----	2062
92BR025.9	-T-----	2075
UG268A2	-A-----	2078
SM145A	-A-----A-----	2093
D757	-T-----	1731
D747	-T----A-----A-----	1872
D760	-T-----	1892
ZAM18A	-T-----	2081
ZAM20A	-A-----G-----	2159
DJ259A	-G-----	2027
DJ373A	-G-----G-----	2060
SE364A	-G-----A-----	2054
CONSENSUS-D	AaTGGCTGTGGTATATAAaAaTAttcATAATgaTAgaTAGgAgGctTgATAGGTTAAAGaATAgTTTTgC	1991
ELI	-----A-----	2090
Z2Z6	-----	2090
Z6	-----	2096
NDK	-----T-----C-----	2069
92UG021.16	-----A-----	2050
92UG024.2	-C-----G-----A-----A-----G-----	2080
JY1	-----A-----A-----A-----A-----	2120
UG269A	-C-----G-----CT-----G-----	2089
UG274A2	-----G-----	2122
SE365A2	-T-----G-----A-----A-----G-----A-----	2084
93ZR001.3	-----	2083
CONSENSUS-E	AtTGGCTGTGGTATATAAAATATTATAATGATAgTAGGAGGTTaATAGGTTAAAGaATAaTTTTGC	2075
93TH966.8	-----	2077
93TH975.15	-----	2071
92TH006.5	-----	2068
TN235	-G-----A-----G-----	2093
TN239	-----	2081
TN242	-----	2078
TN243	-----G-----	2096
92TH022.4	-G-----	2071
93TH976.17	-----	2074
CM240X	-----	2081

**HIV1 ENV**

CONSENSUS-F	AaTGGCTGTGGTATATAAAATATTCAATGATAGTAGGAGGCTTGATAGGCTTAAGAATAGTTTgC	2009
BZ163A	-C-----	2048
BZ126A	-T-----	2056
93BR020.17	-----A-	2065
93BR029.2	-----	2056
CONSENSUS-G	AcTGGCTATGGTATATAAgAATATTTATAATgATAGTAGGAGGttTAATAGGTTAAaAATAgTTTTGC	2021
LBV217	-A-----A-----	2102
92RU131.9	-----AG-----C-----	2074
92UG975.10	-----C-----G-----A-----	2062
CONSENSUS-O	AATGGTTGTGGTATATAAAATAGCtATAATCATAGTaGGAGCACTAaTAGGtgTaAGAGTtaTtATGAT	2023
ANT'70	-----A-----G-----G-----C-----	2099
MVP5180	-----G-----A-----	2138
VAU	-----AG-----	2141
CONSENSUS-U	ATTGGTTGTGGTATATAAAATATTCAATGATAGTAGGAGGCTTGATAGGCTTAAGAATAGTTTAC	1884
Z3	-----	2085
CONSENSUS-A	a?TGGCTgTGGTATATAAgaaTATTtaTAATgATAGTAGGAGGctTaATAGGaTTAAGaATAgTTtTTgC	2008
AD_K124A2	-A-----A-----CG-----G-----T-----G-----	2108
DA_MAL	-A-----C-----AG-----T-----A-----	2105
AD_UG266A2	-A-----A-----C-----G-----T-----G-----C-----	2084
CA_ZAM184	GA-----A-----A-----A-----G-----A-----	2054
GX_VI525A2	GC-----A-----A-----G-----T-----T-----	2132
FB_93BR019.10	-C-----A-----C-----T-----	2083
CONSENSUS-CPZ	AATGGCT?TGGTATATAAAAT?TT??TTATG?AGTAGGAG?AT??TAGG?TAAGAATT?T??T???	1180
CPZGAB	-----G-----T--CC-----GC-----GA--CA---GT-----A-TA-GAC	2072
CPZANT	-----A-----A-TA-----AT-----CT--TG---AC-----T-GC-TGT	2105

## HIV1 ENV

	3'sj (minor) \/\ 3'sj (minor)	\/\ 3'sj (major)	
CONSENSUS-A	tGTgcTTtcTaATAAtAGAGTTAGGcAGGGATACTCACCTtTgTCgTTcCAGAccCttCCCC??aC	2076	
U455	-----C-----C-----T-----G-----AAT-	2148	
SF1703	-----C-----A-T-----T-A-----AA--	2184	
IBNG	-----A-----ACC--	2142	
Z321	A-----T-----ACC--	2169	
92RW020.5	-----G-----C-----A-----T-G-----AA--	2114	
92UG031.7	-----C-----A-----T-----A-----AA--	2165	
92UG037.8	-----A-----G-----C-A-----T-----GA--	2150	
D687	-----A-----AA-----CC--	1810	
UG275A	-----G-----A-----AA--	2154	
UG273A	-----T-----G-----A-----G-----A-----AA--	2166	
VII191A	-----A-----A-----CC-----ACC--	2163	
DJ264A	-----A-----G-----A-----A-----ACC--	2139	
DJ263A	-----A-----A-----ACC--	2163	
DJ258A	-----A-----A-----ACC--	2148	
KENYA	-----C-----A-----AGC-	2145	
CONSENSUS-B	TgTacTttCtaTAgTgAAatAgaGttAGGCAGGGaTactCACcatTaTCgTTtCAgACCC?cctCCagcc	2084	
SF2	---G-----G-----A-----G-----T-	2166	
SF2B13	-----G-----A-----G-----A--	2160	
LAI	-----T-----A-----A-----A--	2184	
HXB2R	-----T-----A-----A-----A--	2169	
NY5CG	-----C-----G-----	2151	
NL43	-----T-----A-----AT-	2163	
JRCSF	-----C-----T-----A-----A--	2145	
JRFL	-----T-----T-----	2142	
ALA1	-----G-----	2148	
JH32	-----C-----G-----	2202	
BAL1	-----A-----A-----T--	2163	
YU2	-----A-----T-----	2130	
BRVA	-----G-----G-----	2157	
91US005.11	-----C-----G-----A-----T-----	2192	
91US006.10	-----T-----A--	2180	
ETR	-----G-----T-----	2187	
BA1A	-----A-----A-----	2163	
MN	-----G-----G-----G-C-----TT	2172	
QZ4589	-----G-----C-----A-C-----T-----A--	2178	
CAM1	-A-----T-----G-----A-----G-T-----TT	2169	
ADA	-----A-----G-----A-----A-----	2160	
JFL	-----G-----G-----A-----C-----G-----A--	2154	
SIMI84	-----A-----A-----T-----	2169	
BCSG3C	-----G-----A-----A-----A--	2178	
D31	-----T-----A-----G-----	2151	
SF162	-----G-----A-----G-T-----	2142	
OYI	-----G-----A--	2166	
SF33	-----G-----A-----T-A-----	2157	
CDC42	-----G-----T-----AA-	2205	
HAN	-----G-----T-----A-----	2166	

	3'sj (minor) \/\ 3'sj (minor)	TgTacTttCtaTagAAtAgaGttAGGCAGGGaTactCACcatTaTCgTTtCAgACCC?cctCCCaGCC	\/\ 3'sj (major)	
CONSENSUS-B	-----	A-G-----A-C-G	-----	2084
ENVVA	-----	-----A-----A-----	-----	2190
RF	--G-----	-----A-----A-----	-----	2196
WMJ22	-----	-----A-----A-----A--	-----	2142
TB132	-----G-----	-----A-----A-----v--	-----	2112
92BR020.4	-----A---AG-----	G---A-----G-----	-----	2156
92TH014.12	-----A-----	G---A-----G-T-----	-----	2132
92US711.14	-----	T-----A-----G-----	-----	2144
91US712.4	-----	-----C-A-----G-----	-----	2153
92US714.1	-----A-----	T-----G---A-----G-----	-----	2219
92US715.6	-----	T-----T-----C-----A-----	-----	2159
92US716.6	-----	-----G-----C-----A-----A-----	-----	2132
92HT593.1	-----C-----	G---A-----A-----T-----	-----	2222
92HT594.10	-----G-----	-----A-----T-----G-----	-----	2144
92HT596.4	-----G---A-----A-----	-----A-----T-----G-----	-----	2165
92HT599.24	-A-----C-----	-----T-----T-----T-----	-----	2195
91HT651.11	-----A-----	-----A-----G-----	-----	2147
RJS	-----	G---A-----C-----G-----	-----	2160
GUN	-----	G---A-----C-----A-----A-----	-----	2056
SC	-----	T-----G-----AG-----	-----	2169
SBA	-----			1335
SBB	-----			1362
SBC	-----			1329
P896	-----A-----	T-----T-----	-----	2160
68A	-----G-G-----G-----	G-----A-----T-----	-----	2172
HEI3BL	-----	-----G-----GTT-----	-----	675
HEI4BL	-----	-----T-----C-----A-G-----	-----	672
HEI20BL	-----T-----	T-----G---A-----C-----G-----A-----	-----	672
HEI22BL	-----	T-----G-----C-----G-T-----	-----	672
HEI27BL	---G---A-----	-----	G-T-----	672
HEI28BL	-----	-----G-----G-----	-----	675
US1	---G-----	-----G-----	-----	2176
US2	-----G-----	T-----G-----T-----T-----	-----	2160
US3	-----	C-----A-----G-----	-----	2178
US4	-----	A-----A-----G-----G-----T-----	-----	2217
CM237X	-----A-----	G---A-----A-----G-T-----	-----	2035
91HT652.11	-----A-----	-----A-----G-----	-----	2159
92UG005	---G-----G-----A-----	T-----TC-G-----T-----	-----	1339
3202A12	-----A-----	-----	G-----	2181
3202A21	-----	-----	G-----	2169
MANC	-----T-----	TC-----A-----A-----	-----	2184
WEAU160	-----C-----A-----	G---A-----A-----	-----	2178

## HIV1 ENV

	3'sj (minor) \/\ 3'sj (minor)	\/ 3'sj (major)	
CONSENSUS-C	TGTGCTcTcTATAGTgAATAGAGTtAgGcagGGaTACTCACCTtTgTCgTTtCAGACCCTTAcCCCaAaC	2079	
93MW959.18	-----T-----A-----	-----	2138
93MW960.3	-----A-----	-----	2126
93MW965.26	-----A-----	A-----	2132
92BR025.9	-----	C-----	2145
UG268A2	-----A-----	A-A-----	2148
SM145A	-----	-----	2163
D757	-----	A-----	1801
D747	-----T-G-----A-----A-GCA-----	G-----	1941
D760	-----	-----	1950
ZAM18A	-----T-----	-----G-----	2151
ZAM20A	-----A-----	-----G-----	2229
DJ259A	-----	G-----GC-A-----	2097
DJ373A	-----T-----	A-A-A-----T-----G-----	2130
SE364A	-----C-----	C-----T-----	2124
CONSENSUS-D	TGTGcTTTCTtTAGTAAATAGAGTtAGGCAGGGATAATCACCTCTgTCaTTtCAGACCCTccTCCCAGcc	2061	
ELI	-----C-----G-----	-----	2160
Z2Z6	-----	-----	2160
Z6	-----	-----	2166
NDK	-----G-----C-----	T-----	2139
92UG021.16	-----C-----	-----	2120
92UG024.2	-----	-----A-----	2150
JY1	-----	-----	2190
UG269A	-----T-----C-G-----	-----	2159
UG274A2	-----	-----	2192
SE365A2	-----C-----G-----	A-----	2154
93ZR001.3	-----C-----TA-----	-----	2153
CONSENSUS-E	TGTgCTTTCTATAGTgAATAGAGTTAGGCAGGGATACTCACCTTGTCCTTCCAGAcCCcTtcCCATCAT	2145	
93TH966.8	-----	-----AT-----G-----	2147
93TH975.15	-----A-----	-----A-----	2141
92TH006.5	-----A-----	T-A-----	2138
TN235	-----A-----	T-----	2163
TN239	-----	-----	2151
TN242	-----	-----A-----	2148
TN243	---K-----	C-----A-----	2166
92TH022.4	---	T-----C-----	2141
93TH976.17	---A-----	T-----T-----	2144
CM240X	-----A-----	-----	2151

	3'sj (minor) \/\ 3'sj (minor)	\/ 3'sj (major)	
CONSENSUS-F	TGTGCTTCATAAGTAAATAGAGTTAGGAAGGgATACTCACCTTGTCAATT?CAGACCCataTCCCAAGC	2078	
BZ163A	-----C-----T-----	2118	
BZ126A	-----A-----	2126	
93BR020.17	-----T-----	2135	
93BR029.2	-----A-----GCT-----	2126	
CONSENSUS-G	TGTGCTTCATAAGTaaAATAGAGTTAGGCAGGGATACTCACCTtTaTCaTTCCAGACCCCT?CCCACCAc	2090	
LBV217	-----G-----C-----G-----T-----	2172	
92RU131.9	-----A-----	2144	
92UG975.10	-----G---T-----C-----	2132	
CONSENSUS-O	AgTACTTAATcTAGTgAAgAACATTAGGCAGGGATACTCAACCCCTCTCGTTaCAGATCCCcatCCaaCAc	2093	
ANT70	-----A-----A-----	2169	
MVP5180	-A-----G-----TG---C---	2208	
VAU	-----A-----A-----	2211	
CONSENSUS-U	TGTGTTTCATAATAAAATAGAGTTAGGCAGGGATACTCACCTTGTCTTCCAGACCCCTCCTCCAAACC	1954	
Z3	-----	2155	
CONSENSUS-A	tGTgcTTtcTaTAATAAAtAGAGTTAGGcAGGGATACTCACCTtTgTCgTTcCAGAcCCttaCCCc??aC	2076	
AD_K124A2	-A-----T---G-----T-----C-----T-----CCT---AGC-	2178	
DA_MAL	-----T---G-----C-----G-----CCT---AACAA	2175	
AD_UG266A2	-----T---G-----T-----C-----C-T-----CCT---AGC-	2154	
CA_ZAM184	-A-AA---G---G-----A-T---T-C---AC--	2124	
GX_VI525A2	-----G-----C-----C-----A-----ATC--	2202	
FB_93BR019.10	-----G-----A-----A-----A-----G---T---AAG-	2153	
CONSENSUS-CPZ	A?T?T?T????????T?AG?A??GTTAGGCAGGG?TA????CCTCT?TC?TT?CAGA?CC?TA?CC?A??C	1221	
CPZGAB	-G-TT-CTCAGTAG-C--G-GA-----C--CTCA-----C--G--G----C---T---T---C-GT-	2142	
CPZANT	-T-AG-TAGTTGCT-A--A-AG-----A--TCAT-----G--A--T---T---C--C--A-AA-	2175	

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	ccaaGGaa??CAGGCCCAGAAATCGaaGAAGAGGTGG...gAGCAAGaCAGAGaCAGaT	2140
U455	--GA--GT...T--G-----A-G-----.....-----G--A-----	2212
SF1703	-----GT.....-----A-----G-----.....-----G-----	2248
IBNG	-AG-----.....A-----G-----.....-----A-----	2206
Z321	-AG-----.....-----G-----	2233
92RW020.5	-----A-----.....T--G-----C-G-----.....-----	2178
92UG031.7	-----GT...T-----G-----.....-----G-----	2229
92UG037.8	-----T-----G-----G-----.....-----G-----	2214
D687	-AG-----.....G-----G-----C...-----G-----	1874
UG275A	-----GT...T-----G-----.....A-----	2218
UG273A	-----T...T-----.....C-----	2230
VII91A	-AG-----.....G-----G--A-----.....G-----	2227
DJ264A	-AG-----.....-----G-----.....-----A-----	2203
DJ263A	-AG---G-----A-----G-----C-----	2227
DJ258A	TGG-----CCA-----A-----G-----C...-----A-----	2215
KENYA	-----GT...T-----.....-----	2209
CONSENSUS-B	ccgaGGGga...CccgacagGCCcGaaGgAAtcGaAGaAGaAGGTGG...GagagAgacAGAgacagAT	2148
SF2	-----.....C-----.....-----	2230
SF2B13	-----.....C-----.....-----	2224
LAI	-----.....-----A-----.....-----	2248
HXB2R	-----.....-----A-----.....-----	2233
NY5CG	-A-----.....-----	2215
NL43	-----.....-----A-----.....-----	2227
JRCSF	A-----.....-----	2209
JRFL	-----.....-----	2206
ALA1	AG---A-----.....-----	2212
JH32	-----.....-----C-----	2266
BAL1	T-----.....G-----	2227
YU2	-A-----.....C-----	2194
BRVA	-G-----.....-----C-----	2221
91US005.11	-----.....G-----A-----.....-----	2256
91US006.10	-----.....A-----.....CA-G-----	2244
ETR	TA-----.....A-----.....-----	2251
BA1A	T-----.....G-----	2227
MN	-----.....-----C-----	2236
QZ4589	-----.....GC-----	2242
CAM1	--A-----.....-----G-----C-----	2233
ADA	-----.....-----C-----	2224
JFL	-----.....G-----	2218
SIMI84	-----.....-----	2233
BCSG3C	-----.....-----	2242
D31	-----.....-----C-----	2215
SF162	--A-----.....-----	2206
OYI	-A-----.....-----	2230
SF33	-A-----.....G-----	2221
CDC42	-----.....C-----G-----.....G-----G-----	2269
HAN	A-----.....CGACA-----A-----.....G-----	2230

CONSENSUS-B	ccgaGGGga...CccgacagGCCcGaaGgAAAtcGaAGaAGaAGGTGGA...GagagAgacAGAgacagAT	2148
ENVVA	-GA----C-----C-----	2254
RF	-----.....-----G-----	2260
WMJ22	-----.....A-----	2206
TB132	-----G-----	2176
92BR020.4	-A-C-----A-A-----C-G-G-	2220
92TH014.12	-A-----GAG-----CA-----	2196
92US711.14	-----A-----C-G-----	2206
91US712.4	G-----	2217
92US714.1	-----A-----G-----C--	2283
92US715.6	AG-----	2223
92US716.6	-T-----A-----	2196
92HT593.1	-----G-----G-----	2286
92HT594.10	-A-----G-----G-----	2208
92HT596.4	-A-----G-----G-----	2229
92HT599.24	-----T-----G-----G-C--	2259
91HT651.11	---C-----	2211
RJS	-----	2224
GUN	-----A-----C-G-----	2120
SC	-A-----	2233
P896	T-----CA-----	2224
68A	-A-----C-----C-----	2236
HEI3BL	-A-G-----G-----A-C-----	739
HEI4BL	-----	736
HEI20BL	--AC-----	736
HEI22BL	-----CA-----A-----	736
HEI27BL	-----	736
HEI28BL	AG-----	739
US1	-----ACA-----	2240
US2	-----CA-----	2224
US3	-----C-----CA-----	2242
US4	-A-----	2281
CM237X	-A-----C-----	2099
91HT652.11	--C-----G-----	2223
92UG005	-----A-----CA-G-G-----	1403
3202A12	-A-----C-C-----	2245
3202A21	-----	2233
MANC	-----G-----G-----	2248
WEAU160	-----	2242

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	ccgaGGGaa??CccGACAGGCtCggAagAATCGAAGaAGaAGGTGGA...	GAGCAAGACAgAGaCAgAT	2143
93MW959.18	-----T-----	-A-----	2202
93MW960.3	-----T-----	-A-----C-	2190
93MW965.26	-----T-----G-----	-----	2196
92BR025.9	-----A-----G-----	-----	2209
UG268A2	-----C-----GA-----	-----	2212
SM145A	-----	-A-----	2227
D757	--AG-----A-----G-G-----	A-----	1865
ZAM18A	--A-----	-----A--	2215
ZAM20A	ATC-----GGAA-----	-----	2296
DJ259A	-----C-----G-----	-G-----	2161
DJ373A	--A-----C-A-G-----	A-G-----	2194
SE364A	-----	-----	2188
CONSENSUS-D	CCGAGGGgA...CCCGACAGGCCCGaAGgAAtAGAAGAAGGAAGGTGGA...	GAGCaAGGCAGAGaCAGAT	2125
ELI	-----C-----	-----G-----	2224
Z2Z6	-----	-----G-----	2224
Z6	-----A-----	-----G-----	2230
NDK	-----A-----	-----G-----	2203
92UG021.16	-----A-----	-----G-----	2184
92UG024.2	-----G-A-C-----	-----G-----	2214
JY1	-----	-----	2254
UG269A	-----	-----G-----	2223
UG274A2	-----A-----A-----	-----G-----	2256
SE365A2	-----	-----	2218
93ZR001.3	-----C-----	C-----G-----	2217
CONSENSUS-E	CAGagGGAA...CcCGACAGAcCCGAAaGAATCGAAGAAGgAGGTGGC...	GagCAAGGCAGAGAcAGAT	2209
93TH966.8	-----	-----	2211
93TH975.15	-----A-----	-----	2205
92TH006.5	-----G-----	-C-----	2202
TN235	-----T-----	-----	2227
TN239	-----	-----	2215
TN242	-----A-----	-----	2212
TN243	-----T-----	A-----A-----A-----	2230
92TH022.4	-----	-----	2205
93TH976.17	-----	-----	2208
CM240X	-----A-----G-----	-----	2215

**HIV1 ENV**

CONSENSUS-F	CCgAGGGAA...CCCGACAGGCCGAAGgAATCGAAGAAGGAGGTGGA...	GAGCaAGGCaaaGAcAGAT	2142
BZ163A	-----A-----	G-----	2182
BZ126A	-----	C-G---	2190
93BR020.17	-----	C-----	2199
93BR029.2	--A-----	C-----	2190
CONSENSUS-G	CAGAGGGaA...CCCGACAGGCC?GAAGGAATCGAAGAAGGAGGTGGA...	GAAGcaAGaCAGAgAAGAT	2153
LBV217	-----T---A-----	C-----	2236
92RU131.9	-----C-----	AGG-G---AC---	2208
92UG975.10	-----G-----A-----	-----	2196
CONSENSUS-O	CaagaGGAA...GcAGgAACGCCAGGAaAACAGGAGaAGgAGGTGGA...	GAaGaAGaCAGGccCAgGT	2157
ANT'70	-----G-----	G-----	2233
MVP5180	-GGC-----A-----	A-----G-----A--	2272
VAU	--C-----T-----G-----	C-----G-----	2275
CONSENSUS-U	CCGAGGGGA...CCCGACAGGCCAGGAAGAACGAAGAAGAAGGTGGA...	GAAGAAGACAACACAGAT	2018
Z3	-----	-----	2219
CONSENSUS-A	ccaagGGaa??CxCGaCAGgCccGaAaGAATCGaaGaAGaAGGtGGa...	gAGCAAGaCAgAGaCAgAT	2140
AD_K124A2	--G----G----A-----G-----A-----	G-----G-----G-	2242
DA_MAL	--G----G-CCA-----G-----A-----	G-----G-----G-----G-	2242
AD_UG266A2	--G----G-----G-----CA-----	G-----G-----GT----	2218
CA_ZAM184	--GA--GT...-T-----G-----G-----	G-----G-----G-----	2188
GX_VI525A2	-A-G-----T-----G-----C-----	C-----C-----AC-----	2266
FB_93BR019.10	--G----G-----A--GA-----G-----	-----	2217
CONSENSUS-CPZ	CAG??GGA?...C?AG????GC?G?AGAAAT???GAAG?AGGTGG?...???	AAGACAG?A?CAG?T	1261
CPZGAB	---AG---A...-A--GAAG--TC-G-----CGAC-----G-----C...GAGC-----A-G---A-	-----	2206
CPZANT	---CA---T...-C--AGCA--CA-A-----AAGA---A-----A...AGAA-----G-T---G-	-----	2239

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	CgattCgaTTaGTgAgCGGaTTCTTAgCactTGCTGGACGAcCTgCGGAgCCTGTGCCTcTtCaGCTA	2210
U455	-----C-----GA-----A-----	2282
SF1703	-----	2318
IBNG	-CG-G-----T-----	2276
Z321	-C----C-G-----C-----A-----T---T-----	2303
92RW020.5	-----	2248
92UG031.7	-----G-----T-----A-----	2299
92UG037.8	-----A-----G-----A-----C-----	2284
D687	-CG-G-C-----T-----A-----	1941
UG275A	-----AC-----	2288
UG273A	-----C-C-----	2300
VII191A	-C-----T-----A-----T-----	2297
DJ264A	-CG-G-C-----T-----	2273
DJ263A	-AGGG-----T-----T-----	2297
DJ258A	-A-A-C-----T-----	2285
KENYA	-----C-----T-A-----	2279
CONSENSUS-B	CcggtcgattagtaatGGaTtcTtagcacTtaTctGGgacGatcTgcGgagCcTGTgCctcTTcagcTa	2218
SF2	-----T-----G-----A-----	2300
SF2B13	-----T-----G-----A-----	2294
LAI	-----AT-----C-C-----	2318
HXB2R	-----AT-----C-C-G-----	2303
NY5CG	-----A-C-----C-----T-----	2285
NL43	-----AT-----C-C-----	2297
JRCSF	-----A-A-----C-----T-C-----T-----	2279
JRFL	-----A-----C-----T-C-----	2276
ALA1	-----G-----A-----T-C-A-----T-----	2282
JH32	-----A-----G-----A-----A-----T-C-----	2336
BAL1	-----C-----C-----G-G-----T-----T-----	2297
YU2	-----C-----G-C-----A-----T-C-A-----T-----	2264
BRVA	-----A-CC-----G-----T-----T-----T-----	2291
91US005.11	-----G-----C-----A-C-----	2326
91US006.10	-----CC-----G-----T-C-----	2314
ETR	-----C-----G-----A-----T-----	2321
BA1A	-----C-----C-----G-----T-----G-----T-----	2297
MN	-----C-----A-----T-C-----T-----	2306
QZ4589	-----TG-----G-C-C-GA-CG-----C-A-----	2312
CAM1	-----G-----A-C-----C-----C-----	2303
ADA	-----TG-----G-----T-----C-----	2294
JFL	-----TAC-----C-----A-C-T-----	2288
SIMI84	-----A-A-----C-----C-A-C-----G-C-A-----T-----	2303
BCSG3C	-----C-----T-----	2312
D31	-----AA-----A-----C-A-C-----CT-----	2285
SF162	-----A-C-----C-A-----C-----A-----	2276
OYI	-----AA-----G-----	2300
SF33	-----AC-----C-----GT-----T-----	2291
CDC42	-----AC-----C-C-----G-----	2339
HAN	-----T-----GC-----T-----C-----	2300

CONSENSUS-B	CcggtcgattagtgaatGGaTtcTtagcacTtaTctGGgacGatcTgcGgagCcTGTgCctcTTCagcTa	2218
ENVVA	-----AA-----	2324
RF	-----CG-TGC-----GA-----T-C-----AG-----	2330
WMJ22	-----T-----G-----C-----	2276
TB132	-----A-C-----G-----A-T-----T-----A-----	2246
92BR020.4	-----A-C-----C-----A-A-C-----C-A-----T-----	2290
92TH014.12	-----AGA-----GC-----A-GA-----G-----A-----	2266
92US711.14	-----A-----C-----A-----T-----A-----	2276
91US712.4	-----A-----G-----A-C-----T-----C-----	2287
92US714.1	-A-T-----C-----T-----GC-----	2353
92US715.6	-----A-A-----C-----A-C-----T-----	2293
92US716.6	-----A-----G-----A-A-C-----T-----C-A-----	2266
92HT593.1	-----TGA-----C-----C-----A-----	2356
92HT594.10	-----AG--CA-----	2278
92HT596.4	-----AG--CA-----	2299
92HT599.24	-----GA-----C-----A-----	2329
91HT651.11	-----A-C-----CAC-----C-----	2281
RJS	-----C-----C-----C-----C-A-----	2294
GUN	-----C-----C-----C-----T-----	2190
SC	-----G-----A-----T-----C-----	2277
P896	-----C-----C-----G-----T-----T-----A-A-----CT-----	2294
68A	-TAC-----C-----G-----CA-----T-----	2306
HEI3BL	--A-G-----G-----C-----T-----	809
HEI4BL	--GAC-----G-----A-----T-----C-----	806
HEI20BL	--A-----C-----C-----C-----	806
HEI22BL	--A-A-A-----G-----AT-----C-----	806
HEI27BL	--A--CC-----G-----C-----T-----AA-----	806
HEI28BL	--C-----C-----C-----A-----	809
US1	-----C-----G-----A-----TC-----T-----C-A-----	2310
US2	--ATA-----T-----G-----	2294
US3	--A-C-----C-----C-----	2312
US4	--AA-----C-----A-G-T-----C-----	2351
CM237X	--AGA-----A-C-----GA-----A-----A-----	2169
91HT652.11	--A-C-----CAC-----CT-----C-A-----	2293
92UG005	--AT-----G-----C-----CT-----A-A-----	1473
3202A12	--TA-----G-----CC-G-----	2315
3202A21	-----C-----	2303
MANC	--A-C-----C-----CG-----A-C-----T-----	2318
WEAU160	-----AA-----G-----A-----T-----C-A-----CT-----	2312

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	CcattcGaTTagTgagCGGATTCTTagCactTgcccTGGGACGAcCTgCGGAGCCTGTgcCtcTTCAgCTA	2213
93MW959.18	-----T--	2272
93MW960.3	-----A-----TT-----	2260
93MW965.26	-----G-----GC-----	2266
92BR025.9	-----G-----T-----	2279
UG268A2	--G-GA----A-C-----T-----	2282
SM145A	-----A-----A-----T-----	2297
D757	-----C-----A-----.	1929
ZAM18A	-----C-----GA-----TT-----T-----	2285
ZAM20A	-----A-----T-----GT-----	2366
DJ259A	-G-----G-----	2231
DJ373A	-----C-----T---T-----	2264
SE364A	-----GT-CA-----	2258
CONSENSUS-D	CcaTtcGATTggTGAAcGGGATTcTcaGCACTtaTCTGGGACGatCTgaGGAAcCCTGTGCCTCTTCAGCTA	2195
ELI	--G-GA----C-----G-----C---C---G-----	2294
Z2Z6	-----	2294
Z6	-----	2300
NDK	-----A-TT-----T-----C-----	2273
92UG021.16	-----C-----G-----C-----	2254
92UG024.2	-----C-----G-T-----C-----	2284
JY1	-----A-----CT-----CC-----	2324
UG269A	-----A-----G-----C-----	2293
UG274A2	-----	2326
SE365A2	-A-----G-C-----	2288
93ZR001.3	-GG-----C-----C-----	2287
CONSENSUS-E	CcGTGcGaTTAGTGAgtCGGATTCTTAGCaCTTgcccTGGGAcGATCTACGGAGCCTGTGCCTcTTCAgCTA	2279
93TH966.8	-----A-----C-----	2281
93TH975.15	-----AT-----A-----CT-----	2275
92TH006.5	-----	2272
TN235	-----T-----G-----	2297
TN239	-----	2285
TN242	-----	2282
TN243	-----C-----T-----	2300
92TH022.4	-----G-----	2275
93TH976.17	-----T-----CT-----	2278
CM240X	-A-----	2285

CONSENSUS-F	CCGTGaGaTTAGTgaACGGATTCTTAGCTCTTgtCTGGGACGACCTGaGGAACCTGTGCCTCTTCAGCTA	2212
BZ163A	-----AG-----	2252
BZ126A	----C-C-----	2260
93BR020.17	-----C-----C-----	2269
93BR029.2	-----	2260
CONSENSUS-G	CCaTtCGaTTAGtGAgCGGATTCTTagC?cTTGCcTGGGACGAccTGcGGAGCCTGTGCCTCTTCAGCTA	2222
LBV217	--G-G--C-----GT-GA-----T-A-----	2306
92RU131.9	-----C-----T-----G-----	2278
92UG975.10	-----A-----A-----T-----	2266
CONSENSUS-O	GGAcacCcTtGCCgCaAGGgTTCTTGCAAATGTTGTACACGGAcCTCAGgACAATAATcTTGTGGAcTTA	2227
ANT'70	---T---C-----C-----A-----A-----	2303
MVP5180	---G-----A-C---A-----A-----T-----	2342
VAU	---T---A-----T-----T-----	2345
CONSENSUS-U	CCGTTGATTAGTGAACGGATTCTTAGCACTTGCCTGGAAAGACCTGCGGAGCCTGTGCATCTTCAGCTA	2088
Z3	-----	2289
CONSENSUS-A	CgattCgaTTaGTgAgCGGaTTCTTAgcAcTTGCCTGGGACGAcCTgCGGAgCCTGTGCCTcTtCaGCTA	2210
AD_K124A2	-C-----G---A-----CC-----AT-----A---GA-----	2312
DA_MAL	-A-----G---A-----C-----AT-----A---A-----T-----	2312
AD_UG266A2	-C-----	2288
CA_ZAM184	-----G-----T---A-----	2258
GX_VI525A2	-C-CG---C---A-----C-----T-----CT-----T-----	2336
FB_93BR019.10	-CG-G-----A-----T---AT-----T---A---A-----	2287
CONSENSUS-CPZ	????G???TT??G?A?GGGT?CTT??CACT??T?TGGGACGACCTCCGAAACCTGGGGATTGGAGCTA	1313
CPZGAB	CAGT-AGA--AGT-G-A---G---GC---TA-C-----	2276
CPZANT	GGAG-GCC--GCA-C-C---T---CG---CT-G	2274

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	CCACCGaTTGAGAGACTtcatcTtGATT...Gca...gcgagg...actGTGgAactTCTGggacacagc	2271
U455	-----GC-----T-----A...G-----G-----	2343
SF1703	-----C-----.....-----C-----AA-G-----	2379
IBNG	-----A-----.....-----A-----	2337
Z321	-----G-GCA-----.....TC-----GAC-----	2355
92RW020.5	-----C-----C-----.....-----	2309
92UG031.7	-----C-----A-----.....-----A-----	2360
92UG037.8	-----A-----.....T-----.....-----	2345
UG275A	-----.....-----.....-----G...-----	2346
UG273A	-----C-----.....TC-----A-----G-----	2361
VI191A	-----A-----T-----.....T-----GAC-----G---G	2358
DJ264A	-----AC-----TG-----.....T-----G-----	2334
DJ263A	-----.....TG-----.....T-----G-----	2358
DJ258A	-----A-----TG-----.....T-----G-----	2346
KENYA	-----C-----.....C...A-TGA-----	2340
CONSENSUS-B	CcaCcgcttgAgagACTTAcTCTtgatt?..gta?..gcgAgg?..?AttGTGGAacttCTgggacgcagg	2279
SF2	--G-----.....C-----.....C-----A-----G-A-----	2361
SF2B13	--G-----.....C-----T-----C-----A-----A-----	2355
LAI	-----.....A-----.....-----	2379
HXB2R	-----.....A-----.....-----	2364
NY5CG	-----.....-----.....-----	2346
NL43	-----.....A-----.....-----	2358
JRCSF	-----.....C-----A-----.....-----	2340
JRFL	-----.....C-----A-----.....-----	2337
ALA1	-----.....A-----.....-----	2343
JH32	-----.....A-----.....-----	2397
BAL1	-----.....G...AT-----.....T...C-----	2357
YU2	-----.....A-----.....-----	2325
BRVA	-----.....A-----.....-----	2352
91US005.11	-----.....A-----.....-----T-----	2387
91US006.10	-----.....A-----.....-----A-----	2375
ETR	-----.....A-----.....C-----A-----	2382
BA1A	-----.....G...A-----.....-----	2355
MN	-----A...-----C-----G-----.....-----	2358
QZ4589	-----A-----C-----A-----A-----A-----	2370
CAM1	-----.....A-----.....-----	2364
ADA	-----.....-----.....-----	2355
JFL	-----.....A-----.....C-----	2349
SIMI84	-----.....-----.....-----	2364
BCSG3C	-----A-----G-----A-----.....-----	2373
D31	-----.....C-----.....-----	2346
SF162	-----A-----C-----.....-----	2337
OYI	-----A-----.....-----	2361
SF33	-----C-----.....-----	2352
CDC42	-----.....-----A-----AC-----	2400
HAN	-----G-----.....A-----AC-----	2361

CONSENSUS-B	CcaCcgcttgAgagACTTAcTCTtgatt?..gta?..gcgAgg?.?AttGTGGAacttCTgggacgcagg	2279
ENVVA	-----A-----T-----	2385
RF	-----G..AA-----	2391
WMJ22	-----G-----A-----r-----	2337
TB132	-----G-----A-----G-----	2307
92BR020.4	-----A-----A-----	2351
92TH014.12	-----A-----A-----	2327
92US711.14	-----A-----A-----	2337
91US712.4	-----A-----A-----	2348
92US714.1	-----A-----A-----	2414
92US715.6	-----A-----A-----	2354
92US716.6	-----A-----A-----	2327
92HT593.1	-----T-----A...A-----A-----	2417
92HT594.10	-----T-----A-----	2339
92HT596.4	-----C-----	2360
92HT599.24	-----AT-----	2390
91HT651.11	----A-G-----A...A-----A-----	2342
RJS	-----A-----A-----	2355
GUN	-----A-----A-----	2251
P896	-----T-----A-----A-----	2355
68A	-----A-----A-----	2367
HEI3BL	-----C-----A-----A-----	870
HEI4BL	-----G-----A-----A-----	867
HEI20BL	-----A-----A-----	867
HEI22BL	-----A-----A-----	867
HEI27BL	-----A-----A-----	867
HEI28BL	-----A-----A-----	870
US1	-----C-----A-----	2371
US2	-----A-----A-----C-----	2355
US3	-----A-----A-----	2373
US4	-----T-----A-----G-----	2415
CM237X	-----A-----A-----	2230
91HT652.11	-----C-----A-----	2354
92UG005	-----A-----A-----C-----G-----	1534
3202A12	-----G-----A-----	2376
3202A21	-----G-----A-----	2364
MANC	-----C-----C-----	2379
WEAU160	-----TC-----C...AA-----	2373

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	CCaCCgaTTGAGAGACTTcataTTgaTt...GcA...GCGAGA...GcgGtGGAACtCTGggAcgcagc	2274
93MW959.18	-----G-----A-----	2333
93MW960.3	----A-----AC-----G-----T-----C-----	2321
93MW965.26	----A-----T-----A-----	2327
92BR025.9	----A-----A-----	2340
UG268A2	--G---C-----AC-----A-----	2343
SM145A	-----G-G-----A-----	2358
ZAM18A	-----A-----C-----A-C-----	2346
ZAM20A	-----A-----C-----G-----	2427
DJ259A	--G-----A-C-----G-----	2287
DJ373A	-----A-C-----T-----T-----	2320
SE364A	-----T-----A-----C---AT-----	2313
CONSENSUS-D	CCaCCgcTTGAGAGACTtAaTCTTAATT...GcA...gcGAGg...ATTGTgGaacTtCTGGGACGC...	2253
ELI	-----T-----A-----	2352
Z2Z6	-----G-----	2352
Z6	-----	2358
NDK	-----C-----	2331
92UG021.16	-----C-----T-----A-----	2312
92UG024.2	-----A-----G-----	2342
JY1	-----A-----	2382
UG269A	-----A-----A-----	2351
UG274A2	--G-----C-----A-C-----	2384
SE365A2	-----G-----A-C-----	2346
93ZR001.3	-----G-----A-----	2345
CONSENSUS-E	CCaCCGTTGAGAGACTTcatCTtGATT...GCA...gCGAGG...aCTgTGgAAcTTCTGGgACaCAGC	2340
93TH966.8	-----C-----G-----	2342
93TH975.15	-----C-----	2336
92TH006.5	--G-----	2333
TN235	-----A-----G-----	2358
TN239	-----	2346
TN242	-----A-G-----	2343
TN243	-----C-----G-----	2361
92TH022.4	-----	2336
93TH976.17	-----AC-----A-----A-----	2339
CM240X	-----A-C-----	2346

CONSENSUS-F	CCgCCACTTGAGAGACTT?aTATTAAT?...gCA...GCGAGG...ATTGTG??.....	2253
BZ163A	--A---C-----AC-----A...A-----A-----.	2295
BZ126A	-----A-----A-----.	2303
93BR020.17	-----C-----T...-----GA.....	2314
93BR029.2	-----C-----T...-----GA.....	2305
CONSENSUS-G	CCACCG?TTGAGAGACTtCATcTTGATT...GcA...gCGAGG...AcA GTGGAaCTTCTGGGACGCCaC	2282
LBV217	-----AA-----...-T-...A-----.	2367
92RU131.9	-----G-----A-----.	2339
92UG975.10	-----C-----C-----G-----G-----	2327
CONSENSUS-O	CCACCTCTTGAGCAACTTAgcATCAGgG...ATC.....CaGAaG	2264
ANT'70	-----...-----.	2340
MVP5180	-----AT-----.	2379
VAU	-----C---A-----.	2382
CONSENSUS-U	CCACCGCTTGAGAGACTTAATCTTGATT...GTA.....GTAAAGGGACTGCGA.....	2134
Z3	-----.	2335
CONSENSUS-A	CCACCGaTTGAGAGACTtcatcTtGATT...Gca...gcgagg...actGTGgAactTCTGggacacagc	2271
AD_K124A2	-----C-----A-----A-----A-----T-----.	2367
DA_MAL	-----C-----AC-----A-----A-----T-----G-----	2370
AD_UG266A2	-----C-----AC-----A-----A-----T-----.	2343
CA_ZAM184	-----C-----T-G-----.	2319
GX_VI525A2	--G--TC-----AC-----A-----T-----GAGA--G	2397
FB_93BR019.10	-----C-----AC-----G-----AT-----A-----T-----G-----	2345
CONSENSUS-CPZ	CCAGAGCTTGACAAGCTTAGCCTGCAAT...GTG...TGGAGAC...AACTCAAGACGTTGGGACATCTA	1374
CPZGAB	-----.	2337

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	agtctcaaggg?ctgagactgggg.....	tgggaaggccTCaAgTAtCTG...t	2316
U455	--C-----A-----	----G-----A-----	2389
SF1703	-----G-----G-----	-----C-----	2425
IBNG	T-----A-----	-----G-C-----A-----	2383
Z321	.....A-CC-CAG-----	-----GACT-----A-C-----G	2389
92RW020.5	-----A-----	-----	2355
92UG031.7	-----GT-----	-----A-----G	2406
92UG037.8	-----GT-----	-----A-----G	2391
UG275A	.....	.....	2362
UG273A	.....	-----AA-----	2386
VI191A	.....	-----G-CT-----A-----	2383
DJ264A	-----A-----T-----	-----G-C-----A-----G	2380
DJ263A	-----C-----A-----	-----C-----C-A-----G	2404
DJ258A	-----C-----A-----	-----C-----C-----G	2392
KENYA	-----G-----GT-----	-----	2386
CONSENSUS-B	???.....??????GGg.....	TGGGaagcccTcAaaTAttgg...t	2304
SF2	-----	-----	2386
SF2B13	-----	-----T-----G-----	2380
LAI	-----	-----	2404
HXB2R	-----	-----	2389
NY5CG	-----	-----T-----	2371
NL43	-----	-----	2383
JRCSF	-----	-----AT-----G-----C-----	2365
JRFL	-----	-----T-----G-----	2362
ALA1	-----	-----T-----C-----	2368
JH32	-----	-----	2422
BAL1	AGG.....G-----	-----T-----	2386
YU2	.....	-----G-----T-----	2350
BRVA	-----	-----T-----	2377
91US005.11	-----	-----T-----G-----	2412
91US006.10	-----	-----G-----T-----	2400
ETR	-----	-----T-----C-T-----	2407
BA1A	.....AGG-----	-----TT-----	2383
MN	.....CGCAGG-----	-----T-----	2389
QZ4589	.....CGG-----	-----T-----G-----G	2398
CAM1	-----	-----	2389
ADA	-----	-----T-----G-----	2380
JFL	-----	-----	2374
SIMI84	-----	-----AT-----C-----	2389
BCSG3C	-----	-----G-----	2398
D31	-----	-----T-----	2371
SF162	-----	-----G-----G	2362
OYI	-----	-----T-----G-----	2386
SF33	-----	-----T-----	2377
CDC42	-----	-----T-----	2425
HAN	-----	-----T-----G-----	2386

**HIV1 ENV**

CONSENSUS-B	???.?????GGg.....	TGGGaagcccTcAaaTAttgg...t	2304
ENVVA	.....-.....	-T-----	2410
RF	.....-.....	-----G	2416
WMJ22	.....-.....	-----G	2362
TB132	.....-.....	.....	2332
92BR020.4	.....-.....	.....	2376
92TH014.12	.....-.....	-----G	2352
92US711.14	.....-.....	-----CT	2362
91US712.4	.....-.....	.....	2373
92US714.1	.....-.....	-----AT-----G	2439
92US715.6	.....-.....	-----AT	2379
92US716.6	.....-.....	-----T	2352
92HT593.1	.....-.....	.....	2442
92HT594.10	.....-.....	-----G	2364
92HT596.4	.....-.....	-----G	2385
92HT599.24	.....-.....	-----G-CG	2415
91HT651.11	.....-.....	-----G-C	2367
RJS	.....-.....	-----G	2380
GUN	.....-.....	-----TT-----CT	2276
P896	.....-.....	.....	2380
68A	.....-.....	-----GATA-----G	2392
HEI3BL	.....-.....	.....	895
HEI4BL	.....-.....	-----AT-----	892
HEI20BL	.....-.....	.....	892
HEI22BL	.....-.....	.....	892
HEI27BL	.....-.....	-----GAT	892
HEI28BL	.....-T.....	-----T-----C-T-----	895
US1	.....-.....	-----C	2396
US2	.....-.....	.....	2380
US3	.....-.....	.....	2398
US4	.....-.....	-----C-----G	2440
CM237X	.....-.....	-----G	2255
91HT652.11	.....-.....	.....	2379
92UG005	.....-.....	-----A-----CT	1559
3202A12	.....-.....	-----T-----	2401
3202A21	.....-.....	-----T	2389
MANC	.....-.....	-----AT-----G	2404
WEAU160	.....-.....	-----T-----T	2398

**HIV1 ENV**

CONSENSUS-C	agtctcaggggactacAGAggGGG.....	TGGGAagcCCTTAAGTAtcTG...G	2320
93MW959.18	-----A-----	-----C-----	2379
93MW960.3	-----	-----	2367
93MW965.26	-----G-----	-----	2373
92BR025.9	--C-----A-----A-----	-----AT-----T-----	2386
UG268A2	-----	-----	2389
SM145A	-----A-----A-----	-----	2404
ZAM18A	-----	-----	2392
ZAM20A	-----	-----A-----	2473
DJ259A	-----	-----A-----	2317
DJ373A	-----	-----A-----	2350
SE364A	-----	-----AT-----C-----	2344
CONSENSUS-D	.....AGgGGG.....	TGGgAaggcccTCAAAaTAtCTG...T	2281
ELI	-----	-----CAT-----	2380
Z2Z6	-----	-----	2380
Z6	-----	-----	2386
NDK	-----	-----C-----	2359
92UG021.16	-----	-----T-----	2340
92UG024.2	-----	-----A-----C-----	2370
JY1	-----	-----A-----	2410
UG269A	-----	-----A-----	2379
UG274A2	-----	-----A-----A-----	2412
SE365A2	-----A-----	-----T-----G-----	2374
93ZR001.3	-----	-----G-TT-----C-----	2373
CONSENSUS-E	AGTCTCAAGGGACTgAGACGGGG.....	TGGGAAGGcCTCAAATATCTG...G	2386
93TH966.8	-----	-----	2388
93TH975.15	-----	-----	2382
92TH006.5	-----	-----	2346
TN235	-----	-----T-----	2404
TN239	-----	-----	2392
TN242	-----	-----	2389
TN243	-----A-----	-----	2407
92TH022.4	-----	-----	2382
93TH976.17	-----	-----	2385
CM240X	-----	-----	2392

CONSENSUS-F	...?CAGGGGgCTgAgGAGGGG.....	TGGGAAGCcCTCAAAActTCTG...G	2294
BZ163A	...AA-----	-----	2338
BZ126A	...AA-----A	-----	2346
93BR020.17	-----	T-----TA-----	2355
93BR029.2	-----A---A-----	-----	2346
CONSENSUS-G	AttCTCaAGGGACTGAGACTgGGG.....	TGGGAGgGCCTCAAATAtcTG...T	2328
LBV217	-GC-----	-----CT-----	2413
92RU131.9	-----A-----	-----	2385
92UG975.10	-----C-----	-----A-----	2373
CONSENSUS-O	?TGATCagctAcCTGgGaCTtGGACTgTGGATCcTaGGgCAGAaGAcAATTgAaGcTTGcAGAcTtTgTg	2333	
ANT'70	G-----T---A-G-----	T---A-T-T-----A-----	2410
MVP5180	C----GA-----G-----	G--A--A-----T-----	2449
VAU	T-----AC-----A-----A-----G-----	-----C-T-A	2452
CONSENSUS-U	.....CGGGG.....	TGGGAAGCACTCAAATACTG...G	2162
Z3	.....	.....	2363
CONSENSUS-A	agtctcaaggg?ctgagactgggg.....	tgggaaggccTCaAgTAtCTG...t	2316
AD_K124A2	.....C-CAG-----	-----C-----A-----G	2398
DA_MAL	.....AG-----	-----C-----A-----	2398
AD_UG266A2	.....C-CAG-----	-----C-----A-CTG-----	2374
CA_ZAM184	-----A-----	-----C-----A-----	2365
GX_VI525A2	G-G.....	-----C-----A-----	2422
FB_93BR019.10	.....AG---T.....	-----C-----A---TG-----	2373
CONSENSUS-CPZ	ATACTTCACAGCCTCAGACTGCTA.....	CGGGAGAGACTGTGCCTGCTG...G	1420
CPZGAB	-----	-----	2383

## HIV1 ENV

	<- rev	
CONSENSUS-A	GgAAatCTtcTg?taTatTGGGgtCgGGAACTaAAaA?TAGTGCTattAaTTTGcTTgAtaCcAtAGCAaT	2384
U455	-----C-G-----T-----C-----CG-TG----G-	2459
SF1703	-----C-----A-----	2495
IBNG	-----A-ATC---C---T--A-----G-A-----A---A-----	2453
Z321	-A-----G-A-C-C-----A-----G-A-----AG-----	2459
92RW020.5	-----T-----C---G-----C-----G-C-----G-----	2425
92UG031.7	-----C---T-G-----C-----T-----	2476
92UG037.8	-----C---C-G-----C-----T-----	2461
UG275A	-----A---AGC-----T-----G-----T---C-----G-----	2432
UG273A	-----C---C-T-G-T-----C-----T-----	2456
VI191A	-----C---T-----G-----T-----C-----G-T-C-----	2453
DJ264A	-----AC---C-----G-A-----G-A-----A-----	2450
DJ263A	-----AC---C-----A-----G-A-----A-----T-----	2474
DJ258A	-----AC---C-----A-----G-A-----G-----A-----	2462
KENYA	-----C---T-G-C-----A-----T-----G-----G-----	2456
CONSENSUS-B	GGAAatCTcCTgcagTaTTGGagtcAGGAacTaAagaaTagtGctgTtagcTtGcTcaatgccacaGCTaT	2374
SF2	-----G-----T-----G-----C-----	2456
SF2B13	-----G-----T-----G-----C-----	2450
LAI	-----A-----	2474
HXB2R	-----A-----	2459
NY5CG	-----G-----A---T-----T-----G-----	2441
NL43	-----A-----A-----C-----	2453
JRCSF	-----A-----T-----	2435
JRFL	-----A-----C-----	2432
ALA1	-----C-----C-----	2438
JH32	-----A---A-----T-----T---C-----	2492
BAL1	-----A-----G-----	2456
YU2	-----C-----T-----C-----	2420
BRVA	-----A-----C-----C-----	2447
91US005.11	-----G-C---TGT-----	2482
91US006.10	-----G---A-C---C-----T---C-----	2470
ETR	-----A-----C-----A-----	2477
BA1A	-----A-----A---T---C-----	2453
MN	-----A-----G-----T-----	2459
QZ4589	-----G-----T-----C-----T-----T-----	2468
CAM1	-----G-----T-----TG---A---T-----	2459
ADA	-----G-----T-----	2450
JFL	-----A-----T-----T---C---T-----	2444
SIMI84	-----T---A-A---T-----	2459
BCSG3C	-----G---A-----C-----A-----T-----C-----	2468
D31	-----T-----	2441
SF162	-----T-----T---T-TG-----T-----	2432
OYI	-----C-----TCA-----C-----	2456
SF33	-----T-----C-----	2447
CDC42	-----G-T---T-----	2495
HAN	-----C-----T-----A-T-T-----	2456

	<- rev	
CONSENSUS-B	GGAatCTcCTgcagTaTTGGagtcAGGaacTaAagaaTagtGctgTtagcTtGcTcaatgccacaGCtaT	2374
ENVVA	-----T-----	2480
RF	-----G-----	2486
WMJ22	-----CA-----	2432
TB132	-----A-----	2402
92BR020.4	-----A-A-----G-G-----	2446
92TH014.12	-----T-----	2422
92US711.14	-----C-----T-----C-----	2432
91US712.4	-----A-----G-----T-----C-----	2443
92US714.1	-----A-----C-----C-----	2509
92US715.6	-----A-----G-G-----C-----C-----	2449
92US716.6	-----A-----G-----A-----	2422
92HT593.1	-----A-----TG-----A-----	2512
92HT594.10	---G---A---A---A---A---T-G-----	2434
92HT596.4	---G---A---A---A---T-----	2455
92HT599.24	-----T-----	2485
91HT651.11	-----T-----A-----	2437
RJS	-----TC-----	2403
GUN	-----T-----.	2289
P896	-----A-----C-----C-----C-----C-----	2450
68A	-----A-----C-----CG-----	2462
HEI3BL	-----A-----CA-----A-----C-----C-----C-----	965
HEI4BL	-----AG-----	962
HEI20BL	-----G-----C-----T-----	962
HEI22BL	-----A-----C-----C-----	962
HEI27BL	-----A-----C-----C-----	962
HEI28BL	-----C-----C-----T-----	965
US1	-----A-----A-C-----A-----T-----C-----	2466
US2	-----A-----A-----CA-----C-----	2450
US3	-----T-----T-----	2468
US4	-----G-----G-----T-----T-T-----A-----	2510
CM237X	-----T-----A-----	2325
91HT652.11	-----T-----T-----A-----A-----	2449
92UG005	-----T-A-----T-----T-----T-T-----A-----A-----	1629
3202A12	-----A-----G-A-----A-----C-----C-----	2471
3202A21	-----T-----T-----TT-----	2459
MANC	-----TT-----TT-----	2474
WEAU160	-----C-----T-----T-----	2468

## HIV1 ENV

	<- rev	
CONSENSUS-C	GAAgtCTTGtgcagTAtTGGgGtctgGAgcTAAAAAaGAGTGCaTTAGTcTgcTTgATACCatAGCaAT	2390
93MW959.18	---A----GA-T-----A--A-----A-AG-----C---C--	2449
93MW960.3	---A-----T-----A-----AG-----C--	2437
93MW965.26	-----G-A-----G-----	2443
92BR025.9	-----C-----A-A-T-----T-----	2456
UG268A2	---C-----AA-A-----T-----	2459
SM145A	---A---GC-----	2474
ZAM18A	-----A-----G-----G-----	2462
ZAM20A	-----C-----A-----C-----T-----	2543
DJ259A	---C-----A-----A-----C-----	2387
DJ373A	---C-----A-----G-----C-----	2420
SE364A	-----CA-----T---AA-----	2414
CONSENSUS-D	GGAatCTCCTGcAgTaTTGGa?tCaggAACTgaagAatAGTgcTAttAGcTTGcTtgAtaCCAtAGCAAT	2350
ELI	-----A-----G-----G-C-----G-----T-----G-----	2450
Z2Z6	-----A-----G-G-----C-----G-----	2450
Z6	-----A-----G-G-----G-----G-----	2456
NDK	---C-----G-----G-----G-----	2429
92UG021.16	-----G-----T-----A-----A-----C-CG-----C-----	2410
92UG024.2	-----C-----T-----A-----T-----T-----A-C-----C-----	2440
JY1	---G-----C-----TT-----A-G-----C-----	2480
UG269A	-----AA-A-----T-----A-----T-----	2449
UG274A2	-----T-----A-----T-----C-----	2482
SE365A2	---G-----TA-----A-----A-----	2444
93ZR001.3	---C-----A-----GG-----G-----C-----T-----A-G-----C-----	2443
CONSENSUS-E	GGAATCTtCTGtTATATTGGgGcCAGGAACtAAaAATTAGtGCTATTCTTGcTTaAtgCtACAGCAAT	2456
93TH966.8	-----C-----G-----C-----	2458
93TH975.15	-----G-----A-----C-----	2452
TN235	-----T-----A-----C-----G-----	2474
TN239	-----T-----A-----A-----	2462
TN242	-----T-----G-----	2459
TN243	-----T-----G-----	2477
92TH022.4	-----T-----	2452
93TH976.17	-----C-----A-----G-----	2455
CM240X	-----G-----	2462

	<- rev	
CONSENSUS-F	GGAatCTCaCgCtGTATTGGgGTCAGGAACATAAGAATAGtGCTATTaGCTTGCTTAA?aCCACAGCAAT	2363
BZ163A	-----G-----T-----C-----	2408
BZ126A	-----C-----	2416
93BR020.17	---G----A-A-----C-----TG-----	2425
93BR029.2	---G-----A-----T-----	2416
CONSENSUS-G	GGAATCTtCTGtTGTATTGGGGtCaGGAgCTAAAGAACATAGTgCTATTAAATTG?TTGATACAaTAGCAaT	2397
LBV217	-----C---C-----A-----C-----G-----	2483
92RU131.9	-----C-----A-----G-----T-----	2455
92UG975.10	-----G-----G-----G-----	2443
CONSENSUS-O	?AGCTgTAAtaCAATAcTGGCTACAAGAACATTGcAaAaTAGTGCTACAAaccTgCTaGAtACT?TTGCAGT	2401
ANT70	C-----C-----G-----G-T-----C--AC-----	2480
MVP5180	G-----G-----T-----A-----T-----A-----	2519
VAU	A-----A-----C-----T-----A-----G-----	2522
CONSENSUS-U	GGAATCTTGTGCTGTATTGGGGTCAGGAACATAAGAACATAGTGCTATTAGTTTGCTTAATGCCACAGCAAT	2232
Z3	-----	2433
CONSENSUS-A	GgAAtCTtcTg?taTatTGGGgtCgGGAACTaAAA?TAGTGCTattAaTTTGcTTgAtaCcAtAGCAaT	2384
AD_K124A2	-----C---CAG-----AC-----G-A-----GC---AG-----G-----	2468
DA_MAL	-----C---CA-----A-----G-G-A-----GC-----A-----C-----	2468
AD_UG266A2	-----C---ACAG-----AT---A-----G-A-----C---T---A-----C-----	2444
CA_ZAM184	-----T-----A-----T-G-G-A-----G-----A-----	2435
GX_VI525A2	-----CAG-----A-A-----G-A-----C---C-----A-C-----C-----	2492
FB_93BR019.10	-----C---CAG-----A-----G-A-----G---G-----T---A-G-----T-----	2443
CONSENSUS-CPZ	GGGGATTATTCAATATTGGGGAAAGGAGCTAAAATTAGTGCTATAAGCCTGCTTGATGCAACAGCTAT	1490
CPZGAB	-----	2453

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	AGcAgTAGCTggctGGAcAGAtAGggTATAGAAaTAGgACAAagAattggTAGaGCTaTTctcaACATA	2454
U455	-----G---T-----C-----	2529
SF1703	-----	2565
IBNG	--T-----AA-----A-C-----G-G-----G-----	2523
Z321	--A-----A-----G-T-----GC-----T-----	2529
92RW020.5	-----A-----G-----TT-----T-----	2495
92UG031.7	-----	2546
92UG037.8	--T-----G-----C-----	2531
UG275A	--T-A-----G-----A-----T-----C-T-----T-AC-----	2502
UG273A	-----A-----	2526
VI191A	-----A-G-----A-----T-----	2523
DJ264A	-----AA-----C-A-----G-G-----GT-----	2520
DJ263A	-----AAT-----C-A-----G-----	2544
DJ258A	--T-----AA-----C-A-----GA-G-G-----	2532
KENYA	--T-----C-----G-----A-----C-----	2526
CONSENSUS-B	aGcaGTAgctGAggGgAcaGATAGGgttaTAgAAgttagtaCaaagAgctt?tagagctattctccacata	2443
SF2	-----A-----C-----A-----	2526
SF2B13	-----	2520
LAI	-----	2544
HXB2R	-----	2529
NY5CG	-----C-----AT-----G-----G-G-----C-----T-----C-----	2511
NL43	-----T-----GC-----A-----G-----	2523
JRCSF	-----A-----T-----A-----G-----	2505
JRFL	-----A-----C-T-----A-----A-----	2502
ALA1	-----T-----G-----T-----C-----T-----	2508
JH32	-----C-----A-----A-----T-----T-----	2562
BAL1	-----A-----T-----G-----GT-----	2526
YU2	-----A-----A-----T-----T-----G-----T-----	2490
BRVA	-----G-----A-----C-----T-----C-----G-----	2517
91US005.11	-----A-----G-A-----AT-----.	2531
91US006.10	-----A-----CT-----G-----	2540
ETR	-----A-----T-----A-----A-----G-----C-----	2547
BA1A	-----A-----T-----GT-----	2523
MN	-----	2529
QZ4589	-----A-----A-----C-----G-----AT-----G-----C-----	2538
CAM1	-----A-----G-----G-----	2529
ADA	-----	2520
JFL	-----A-----AT-----A-----G-----C-----	2514
SIMI84	--T-----AT-----GG-----G-----	2529
BCSG3C	-----A-----A-----A-----	2538
D31	-----C-----	2511
SF162	-----A-----C-----AT-----GG-----T-----	2502
OYI	-----A-----A-----T-----A-T-----	2526
SF33	-----A-----TGGG-----	2517
CDC42	-----A-----AT-----A-----T-----	2565
HAN	-----A-----G-----A-----	2526

CONSENSUS-B	aGcaGTAgctGAggGgAcaGATAGGgttaTAgAAgttagtaCaaagAgctt?tagagctattctccacata	2443
ENVVA	-----T-----A-----AT-G-----G-----	2550
RF	-----A-----A-----C-----AT-CT-----T-----T-----	2556
WMJ22	-----A-----T-----ATC-G-----A-----	2502
TB132	-----A-----T-----T-A-----A-----A-----	2472
92BR020.4	-----A-----A-----A-C-----TT-T-----G-T-----	2516
92TH014.12	-----A-----A-----A-----A-----C-----	2492
92US711.14	-----A-----A-----A-----A-----A-----	2502
91US712.4	-----T-----AT-GG-----G-----	2513
92US714.1	-----A-----GG-----G-----	2579
92US715.6	-----T-----GG-----C-----T-----	2519
92US716.6	-----T-----GG-----G-C-----	2492
92HT593.1	-----A-----G-----T-----C-----	2582
92HT594.10	-----A-A-----AT-GG-----G-----	2504
92HT596.4	-----A-A-----AT-GG-----G-----	2525
92HT599.24	-----A-----G-----G-G-----T-----G-----T-----	2555
91HT651.11	-----A-----A-----A-----GT-----T-G-----TA-----	2507
P896	-----A-----A-----G-----G-----G-A-----	2520
68A	-----G-----CT-----GG-----G-----	2532
HEI13BL	-----C-----A-----G-----	1035
HEI4BL	-----T-----A-----A-----A-----	1032
HEI20BL	-----A-----G-----C-----	1032
HEI22BL	-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----	1032
HEI27BL	-----T-----	1032
HEI28BL	-----C-----T-----T-----G-----	1035
US1	-----A-----C-----	2536
US2	C-----T-----AT-----A-----T-----TG-A-----	2520
US3	-----T-----AT-GG-----	2538
US4	-----A-----A-----A-----AT-----T-----G-AA-T-----	2580
CM237X	-----A-----A-----	2395
91HT652.11	-----A-----A-----A-----AT-GT-----C-----	2519
92UG005	-----A-----A-----AT-GG-----TA-----	1699
3202A12	-----AT-----G-----C-----	2541
3202A21	-----G-----G-----G-----	2529
MANC	C-----A-----G-----T-GG-----	2544
WEAU160	-----A-----G-----A-----G-----	2538

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	AgCAGTAGCTGAAGGAACAGATAAGaTTaTAgAAAtta?tACAAaGaaTttGtAGaGcTaTC?gcaAcATA	2458
93MW959.18	-----T-----C-C-----G-----C-----	2519
93MW960.3	-----A-----C-G-----TA-----	2507
93MW965.26	-A-----AC-----G-G-----C-G-----T-----	2513
92BR025.9	-----G-CA-----G-----G-----T-----	2526
UG268A2	-----T-----A-----G-GGG-----G-G-----CT-C-----	2529
SM145A	-A-----GC-----G-G-C-----	2544
ZAM18A	-A-----CA-----C-----	2532
ZAM20A	-----G-----C-T--T---	2613
DJ259A	-A-----A-CA-----G-GC-----G-----T-----	2457
DJ373A	-----A-A-----G-----T-T-----	2490
SE364A	-A-----A-----G-----C-----G-----A-----	2484
CONSENSUS-D	AgcAGTAGCTGAggggACAGATAGgggTATAGAA?TAgtaCaAAgAgcTt?tAGAGCTgTTCTTcACaTA	2418
ELI	-----A-----A-A-----GC-----A-----	2520
Z2Z6	-----A-----G-----GC-----	2520
Z6	-----A-----G-----A-AC-----A-G-----	2526
NDK	-----A-----G-----GC-----A---A-G-----	2499
92UG021.16	-A-----A-----C-----T-----G-----GT-----A-----	2480
92UG024.2	--T-----A-----C-A-----AT-GG-----A-----A-----	2510
JY1	-----A-----C-A-G-----T-----	2550
UG269A	--T-----G-A-----GT-----	2519
UG274A2	-----A-----A-----GA-----GT-----A-----	2552
SE365A2	-----A-----CG-----G-----A-----	2514
93ZR001.3	-----A-----AA-----G-----C-AT-T-----A-----	2513
CONSENSUS-E	AgcAGtAGcGGGTGGACAGAtAgggTTATAGAaGTAGCACAAgGAgcTTGGAGAGCCATTCTCCaCATA	2526
93TH966.8	-----G-----AT-----	2528
93TH975.15	-----A-----	2522
TN235	-AT-----	2544
TN239	-----	2532
TN242	-----	2529
TN243	-----A-----	2541
92TH022.4	-----A-----A-----	2522
93TH976.17	-----G-----A-----A-----G-----	2525
CM240X	-----C-----C-----	2532

CONSENSUS-F	AGtAGTAGCTGAGGG?ACAGATAGA?TTATAG?AGCTTGCAAAGA??tGGTAGAGCTaTTcTtAACATA	2428
BZ163A	-----A-----A-----C-----AT-----T-G-----	2478
BZ126A	-----A-----A-----C-----AT-----	2486
93BR020.17	--C-----T-G-----G-----A-----GC-----C-----	2495
93BR029.2	-----G-----G-----A-----GCG-----G-----	2486
CONSENSUS-G	AgCAGtAGCtAACTGGACAGATaGGGTtATAGAAgTAGtaCAAAGAgCTTGTAGaGCTATTCTcaAcATA	2467
LBV217	----AC-----C-----CG-----C-----T---	2553
92RU131.9	-A-----C-----A-----TG-----	2525
92UG975.10	-----T-----A-----G-----	2513
CONSENSUS-O	GgCAGTtGCcAATTGGACTGACgGCAtaATCttAGG?aTACAAAGaATAGGaa?AGGaaTtCtTaACATc	2469
ANT'70	----A-----GC---G-----C-----G-----	2550
MVP5180	-T-----C-----TC-----CA-----T-C-----C-----	2589
VAU	-----T-----A---C-----C-----G-G---G-----A	2592
CONSENSUS-U	AGTAGTAGCTGAGGGAACAGATAGAATTATAGAAGTGGGACAAAGAATTGTAGGGCTATTCTCAATATA	2302
Z3	-----	2503
CONSENSUS-A	AGcAgTAGCTggctGGAcAGAtAGggTTATAGAAaTAGgACAAagAattggTAGaGCTaTTctcaACATA	2454
AD_K124A2	--T-----C---TA---A-----C-----T-----C-----	2538
DA_MAL	-----AA---C-----T-----C-----	2538
AD_UG266A2	-----AGG-----C-----T-----GC---T-----T-----	2514
CA_ZAM184	-----AG-----A-----GC-T-C-----G---T---	2505
GX_VI525A2	-----AGG-A-----TG-----T-GC-T-C-----G---TC-----	2562
FB_93BR019.10	-----AAG-----GC-AT-----T-----G-----C---G--	2513
CONSENSUS-CPZ	TGCAGTAGCAGAAGGTACAGATAGAATAATAGAAGCTTTCAAGTTACACTTAGAATTATTAGAACATC	1560
CPZGAB	-----	2523

## HIV1 ENV

CONSENSUS-A	CCtagAAGAATCAGaCAgGGctt?GAAAggGctTTgctATAA	2495
U455	-----A-----A-----	2568
SF1703	-----C-----T-	2603
IBNG	-----C-----	2565
Z321	--A-----A-A---A-----	2568
92RW020.5	-----C-T-----GC-----	2534
92UG031.7	-----G-----T-----A-----A-----	2588
92UG037.8	-----G-A-----A-----A-----	2573
UG275A	-----A-----C-----	2544
UG273A	-----G-----C-----A-----A-----	2568
VI191A	--C-----AGCG-----AA-----A-----	2565
DJ264A	--GT-----A-TC-C-----	2562
DJ263A	-----TC-T-----A-----	2586
DJ258A	-----GC-T-----T-----	2574
KENYA	-----T-----A-----	2568
CONSENSUS-B	ccta?aagaataagACAgGGcttgAaaGggctTTgctaTAA	2484
SF2	-A--G-----T-----CT-----	2565
SF2B13	-----G-----T-----A-----CT-----	2559
LAI	-----G----------AT-----	2583
HXB2R	-----G----------AT-----	2568
NY5CG	-----G-----A-----A-----CT-----	2550
NL43	-----G----------AT-----	2562
JRCSF	----C-----	2544
JRFL	----C-----	2541
ALA1	----G-----C-----	2547
JH32	----C-----	2601
BAL1	----G-----	2565
YU2	--GT-----A-----	2529
BRVA	-----G----------A-----	2556
91US005.11	.....T-----AA-----	2560
91US006.10	-----CT-----T-----	2582
ETR	--GT--A-----	2589
BA1A	-----G-----A-----	2565
MN	-----C-----	2568
QZ4589	-----G-----C-----	2580
CAM1	-----G-----A-----A-----CT-----	2568
ADA	-----C----------CT-----	2559
JFL	--GT-----A-----	2553
SIMI84	-----G-----C-----	2568
BCSG3C	-----G----------CT-----	2577
D31	--GT-----A-----	2550
SF162	-----G-----T-----	2541
OYI	-----G-----	2565
SF33	-----C-----T-----	2556
CDC42	-----G-----C-----	2604
HAN	-----G-----G-G-----C-----	2565

CONSENSUS-B	ccta?agaataagACAgGGcttggAaaGggctTTgctaTAA	2484
ENVVA	----G----G-----A-----	2592
RF	----G-----A-----G	2595
WMJ22	G-----	2541
TB132	----C----C-----A--G-TCGA	2505
92BR020.4	----G-----A-A-	2555
92TH014.12	----C-----C-C-----A--	2531
92US711.14	----C-----	2541
91US712.4	----C-----	2552
92US714.1	----G-G-----A-----	2621
92US715.6	----G-----T-----	2558
92US716.6	----C-----	2531
92HT593.1	----C-----T-----	2621
92HT594.10	----C-----A-----	2543
92HT596.4	----C-----A-----	2564
92HT599.24	----G-----A-----	2594
91HT651.11	----C-----	2546
P896	----C----C-----	2562
68A	----G-----A-----	2574
HEI3BL	G-----C-----AG-----	1077
HEI4BL	----T-C-C-----	1074
HEI20BL	----G-----A-----A-----TT-----AG-----	1074
HEI22BL	----C-C-----	1074
HEI27BL	----C-----A-----	1074
HEI28BL	----G-----C-----	1077
US1	--C-C-C-G-----	2578
US2	----G-----CT-----	2562
US3	----C-----A-----CT-----	2580
US4	----G-----G-----A-----	2622
CM237X	----C-----T-----	2422
91HT652.11	----C-----T-A-----	2561
92UG005	--C-C-C-----GC-----A-----	1741
3202A12	----C-C-----	2583
3202A21	----GT-----TC-----	2571
MANC	---GTT-----A-----A-----	2583
WEAU160	----G-----A-----	2580

## HIV1 ENV

CONSENSUS-C	CCTagAAGAATaAGACAgGGcTTGAagCAGCtTTGCaATAA	2500
93MW959.18	---GC-----T-	2558
93MW960.3	-----T-	2546
93MW965.26	-----GA-----T-----	2555
92BR025.9	-----	2568
UG268A2	-----A-----	2571
SM145A	---C-----T---	2586
ZAM18A	-----	2544
ZAM20A	-----	2625
DJ259A	-----T-----	2499
DJ373A	-----	2532
SE364A	-----A-----G-----	2526
CONSENSUS-D	CCcacAcGAaTAAGaCAGGGcTTgGAAAGGgcTTTaCTaTAA	2460
ELI	---G-A-----A-----T-----T	2559
Z2Z6	-----A-----A-----CT-----G-----T	2559
Z6	-----A-----A-----CT-----G-----T-----	2568
NDK	---G-A-----CT-----G-----	2538
92UG021.16	-----A-----	2522
92UG024.2	---G-----CT-----G-----	2552
JY1	---G-----G-----	2589
UG269A	---G-----T-----	2561
UG274A2	-----G-----	2594
SE365A2	-----G-----	2556
93ZR001.3	---G-----G-----	2555
CONSENSUS-E	CCTAGaAGAATCAGACAGGGcTTAGAAAGGgCTTGCTATAA	2568
93TH966.8	-----	2567
93TH975.15	-----	2561
TN235	----G-----	2556
TN239	----G-----	2544
TN242	-----	2541
92TH022.4	----G-----	2564
93TH976.17	-----T-----T-----	2567
CM240X	-----A-----	2574

CONSENSUS-F	CCTA?AAGAATAAGACAGGGCTT?GAAAGGGCTTGcTaTAA	2468
BZ163A	-----C-----C-----	2520
BZ126A	-----C-----C-----G--	2528
93BR020.17	-----G-----G-----T--	2537
93BR029.2	-----G-----G-----	2528
CONSENSUS-G	CCTAGAAGgATAAGACAAGGcTTaGAAAGAGCTTGCTATAA	2509
LBV217	-----G-----	2595
92RU131.9	-----A-----T-----	2567
92UG975.10	-----	2555
CONSENSUS-O	CCAAGaAGaATTAGACAgGGc?taGAAaGAatctTatTg	2507
ANT'70	-----G-----T-----GT-----	2589
MVP5180	-----A-----TGC-----G--	2628
VAU	-----G-----C-T---C--C--C-G--A	2631
CONSENSUS-U	CCTAGAAGAATAAGACAGGGTTTCGAAAGGGCTTACTGTAA	2344
Z3	-----	2545
CONSENSUS-A	CCtagAAGAATCAGaCAgGGctt?GAAAggGctTTgctATAA	2495
AD_K124A2	-----C-G-----	2580
DA_MAL	-----T-----C-----	2577
AD_UG266A2	--C-C-----A-----C-----A-----	2556
CA_ZAM184	--C-----A-----T-----A--G---	2547
GX_VI525A2	-----A-----T-----	2604
FB_93BR019.10	--C-----A-----A-A-----	2555
CONSENSUS-CPZ	CCTAGGCGCATAAGACAAGGGCTGGAAAGAGCTTACTT	1599
CPZGAB	-----	2562

## HIV1 ENV CONSENSUS

## HIV1 ENV CONSENSUS

CONSENSUS-A	????????????????????????aa?a?cac????????????????aa?a?ac???	402
CONSENSUS-B	-----tg-t--t-----t----?t--	412
CONSENSUS-C	-t-----.....-----tg-t--caataat-----t?-----	413
CONSENSUS-D	-----.....-----tg----t-----t?-----	410
CONSENSUS-E	-----.....aatgtcaat--c-ta--caatgtctctaacaataatagga--t-ta-a..	455
CONSENSUS-F	-----.....a-tgacact--?--?--?----caaaacgg-----	421
CONSENSUS-G	atact-----.....?--?--?----.....-----ATtgtAC	410
CONSENSUS-O	-----c-ta-----.....---ga?--Aa-a.....	415
CONSENSUS-U	a.....-----t--?--tgaag-a.....	354
CONSENSUS-CPZ	.....?--?--?A-C-----	196
CONSENSUS-A	???????.????????????????ga?.....atg	407
CONSENSUS-B	-----????????-----a-----a?-?????.....?????????-----	417
CONSENSUS-C	-----???.-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----	413
CONSENSUS-D	-----??.-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----	410
CONSENSUS-E	.....-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----	455
CONSENSUS-F	.....-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----	433
CONSENSUS-G	T-----?--?g?gaac-----aacAAtagcactgTg??-----g???c-aa	436
CONSENSUS-O	.....-----	415
CONSENSUS-U	.....-----	354
CONSENSUS-CPZ	.....-----A-----A-----C-----?C-CC?????????????.....?????????	202
tev or tnv in LAI/IIIb -> 5'sj \/\		
CONSENSUS-A	?aa.....g?agaa.....ataAaaAAcTGctCTTtCAATAtgACcaCAGAa?TAAGag	453
CONSENSUS-B	g-gaaa??-g--?-----a-----c-----agca-----	469
CONSENSUS-C	-?????...a-----.....-----T-----gca-----	458
CONSENSUS-D	g-????...a---g-----.....-----G-----a-----g-----	457
CONSENSUS-E	-??.----At----.....G-----g-----T-----T-----c-----	501
CONSENSUS-F	G-gCCA...-GG-c-----.....-----C-----T-----g-----	485
CONSENSUS-G	-??.----a-----.....-----g-----A-----a-----	482
CONSENSUS-O	.....AAt--g?????.....-----G-----g--Tga?--T--G-A--t----T?c-C-a--	459
CONSENSUS-U	-????????--?----?-----?-----t-----A-----?-----?	392
CONSENSUS-CPZ	-?????????--?----?-----?-----?-----T?--?--?-----?-----T?--?--	227
CONSENSUS-A	ATAagaaaacagaaaagtatattCaCTtTTtTAtAgacTtGATgTaGTaCaAAttaat?????????????	509
CONSENSUS-B	-----gtg-----a---g-----a-----c-----ag---aat---t-----	529
CONSENSUS-C	-----g-----G-----a-----c-----c-----	514
CONSENSUS-D	-----ga--c-----c-----g-----a-----?-----ag-----	511
CONSENSUS-E	-----g-----G-Cc-----G-----ag-----a-----g-ag-taa-----	561
CONSENSUS-F	-----C-G?-----C-----g-----A-----c-----?gc-----	539
CONSENSUS-G	-----a---?--A---CG-g-----C-----a-----C-----	537
CONSENSUS-O	-C--A--GG-----AA-C-GG-T--A--C---GT-tCA---t-Ga-ta-g?-----GacaCAa-----	521
CONSENSUS-U	-----Ga--o---?-----g-----c-----a-----C-----g-----a-----	449
CONSENSUS-CPZ	-----?--A?-----?-----A-----?-----G?-----?-----?-----A?-----?-----G-----	257
CONSENSUS-A	??????aata?t?t?????????.....aata?t?t????????????????a?	524
CONSENSUS-B	-----????-?-----?-----?-----?-----?-----?-----	535
CONSENSUS-C	.....a-----.....-----c?-----g-----	528
CONSENSUS-D	-----?-----.....-----c-----?-----a-----	526
CONSENSUS-E	-----g-----g-----a-----?-----?-----?-----?-----?-----	571
CONSENSUS-F	-----a?-----g-----?-----?-----?-----?-----?-----	547
CONSENSUS-G	-----g-----g-----?-----g-----a-----tagtg-t-----	561
CONSENSUS-O	a.....gaa-CA-----.....Atg	534
CONSENSUS-U	.....a?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----	456
CONSENSUS-CPZ	.....-?-----?-----?-----?A?-----C?-----?-----?-----	264
CONSENSUS-A	TATAGatTAATAaAtTGTAAataccTCAGCcatTAcAcAgG CtTGtCCaAAGgTatCCTTGAGCCaATTC	594
CONSENSUS-B	-----g-----g-----c-----t-----c-----	605
CONSENSUS-C	-----.....-----A-----a-----C-----Ca-----t-----c-----	598
CONSENSUS-D	-----.....-----g-----a-----	596
CONSENSUS-E	-----g-----T-----T-----AG-----a-----T-----	641
CONSENSUS-F	--C-gC-----?-----A-----T-GG-----T-----	616
CONSENSUS-G	-----gc-----gt-----A-----A-----ga?T-----c-----	630
CONSENSUS-O	?-----cT-----CT-----A-----C-----?G-----C-----T-----c-----	602
CONSENSUS-U	-----gc-----a-----	526
CONSENSUS-CPZ	-----?-----?-----?-----?-----A?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----	309
CONSENSUS-A	CCATAcTTATTGtgCcCCaGCTGGtTttGCgATtCTAAagTGTAA?GataaggagTTcaatGGAacAGG	663
CONSENSUS-B	-----g-----t-----a-----	675
CONSENSUS-C	-T-----t-----a-----ta-----Aca-----g-----	668
CONSENSUS-D	-----a-----a-----a-----a-----A-----g-----	665
CONSENSUS-E	-t-----a-----t-----a-----t-----T-----a-----t-----g-----	711
CONSENSUS-F	-----T-----A-----T-----aA-----G-----g-----	686
CONSENSUS-G	-----T-----t-----gg-----a?-----	699
CONSENSUS-O	-----C-----T-----a-----A-----a-----c-----CT-----t-----c-----CA-----a-----T-----	672
CONSENSUS-U	-----t-----A-----	596
CONSENSUS-CPZ	-----?-----?-----?-----A-----?-----?-----?-----?-----?-----T?CA-----?-----	360

## HIV1 ENV CONSENSUS

CONSENSUS-A	GccatgcAagAATGTcAGcaCaGtaCAATGcACacATGGa..?ATcAagCCAGtagTatCAAActCaaCTg	730
CONSENSUS-B	a----t-ca-----t-----t-g-----	742
CONSENSUS-C	a----c-t-----T-----t-----g-----	735
CONSENSUS-D	?----a-----t-----g-----t-g-----g-----	731
CONSENSUS-E	----t-A-----T-----t-----G-----t-----	778
CONSENSUS-F	-----T-----T-----T-----A-----g-----T-----	753
CONSENSUS-G	A----T-a-----T-----T-----T-----g-----t-a-----	766
CONSENSUS-O	c-t-----a-ca-t-CaGT---TACT-T-----C-----AC-----AGT-----A-----	739
CONSENSUS-U	A-----A-----t-----t-----t-----g-----	663
CONSENSUS-CPZ	?A?--T-?-----??????--?--T-?-----?-----?-----?-----G-----?-----?-----GT-A-----	403
CONSENSUS-A	cTGtTaAATGGcAGtcTAGCAgAg?a???gaggTAatgaTtagaTCTgAaAataTcacAaAcAATgcca	796
CONSENSUS-B	-----a...-----g-a-----t-----gg-----t-----	809
CONSENSUS-C	-----T-c-----g-----A-----a-----C-g-----t-----	802
CONSENSUS-D	?----g-----A-----a-----A-----c-----?-----t-----	796
CONSENSUS-E	-----a-----A-----A-----c-----C-----	845
CONSENSUS-F	T-----C-----a-----ta-----A-----c-----t-----g-t-----A-----	820
CONSENSUS-G	---c-g-----t-----a-----a-----a-----c?-----g-----	832
CONSENSUS-H	-----A?-----?-----?-----?-----?-----G-----A-----	36
CONSENSUS-O	A-Ac-----G-CA--CT-TA--g...A-aA---gA--?-----TGGgAA-----Tt-gG-?g-gg-----	804
CONSENSUS-U	-----?-----A-----A-----?-----g-----	728
CONSENSUS-CPZ	?-----?-----A-----?-----T-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----A-----?-----?-----A-----?-----?-----	426
CONSENSUS-A	aaAccaTAaTaGtAcAgcTtg?taaggcctGTAA:aATtaaTTGTaccAGACCt...aacaacaatacaAg	861
CONSENSUS-B	-----gaa?g-at-----ga-----a-----c?-----	875
CONSENSUS-C	-----a-----t---aA?-----at-----ga-----gtg-----a-----c...-----T-----	868
CONSENSUS-D	-----?-----AA-G-----t-----c-----a-----G-c?-----t-----a-----	862
CONSENSUS-E	-----G-C-----AA-----At-----Ga-----C-----c...-----Tc-----	912
CONSENSUS-F	-----c-----AA-g-----At-----ca-----A-----c...-----	887
CONSENSUS-G	--gt-----g-----AA-a?-----a-----ga-----?-----c...-----t-----	896
CONSENSUS-H	-----A-----AAA?T-----?-----?-----C-----C...-----T-----?-----G-----	99
CONSENSUS-O	-----At-----C-----ACC-----AAA-tcTa-----a-----a?-----g-Cc-----gag-----A...gga-----tc?-----gT	869
CONSENSUS-U	-----aa-g-----a-----a-----?-----?-----?-----?-----?-----	793
CONSENSUS-CPZ	?TGT??G??-----?-----?-----A?T?G-A?-----?-----?-----?-----?-----A...GGA-----?-----?-----?	461
CONSENSUS-A	a...Aaaagt?????????gtacgtata?????????GgacCAGGaCaA?????gcatTctaTgcA...-----	901
CONSENSUS-B	-----a-----a-----a-----a-----gag-----t-----a-----	915
CONSENSUS-C	-----a-----A-g-----a-----a-----a-----	908
CONSENSUS-D	-----c-----?-----ac-----c-----t-----g-----c-----A-----?-----	901
CONSENSUS-E	-----C-----a-----ac-----a-----t-----ag-----	952
CONSENSUS-F	-----a-----a-----a-----t-----g-----t-----	927
CONSENSUS-G	-----A-----a?-----t-----c-----g-----	934
CONSENSUS-H	-----?-----A-----?-----?-----?-----?-----?-----	133
CONSENSUS-O	...C-----gAg.....A-----a?-----T-----aTG.....?-----GG-----cAGc.....	903
CONSENSUS-U	-?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----	830
CONSENSUS-CPZ	?...?G-----?A?-----?-----?-----ATG.....A-----?-----AA?-----	490
CONSENSUS-A	acaggtgacaTA.....ataGGg...gAtAtAAgacAaGCacAtTGtaatgTcAgtaga?	952
CONSENSUS-B	----a-----a-----?-----?-----a-----ca-----t-----g-----	967
CONSENSUS-C	-----a-----?-----A-----c-----CA-----T-----a-----g-----	960
CONSENSUS-D	---?-----aga-----?-----?-----a?-----?-----a-----T-----?-----g-----	947
CONSENSUS-E	-----A-----?-----a-----a-----a-----T-----G-----gA-----T-----A-----g-----A-----	1004
CONSENSUS-F	-----a-----a-----a-----c-----c-----a-----G-----c-----t-----g-----a-----	979
CONSENSUS-G	-----a-----a-----a-----t-----t-----t-----a-----	986
CONSENSUS-H	-?-----?-----?-----A-----?-----?-----?-----A-----T-----?-----?-----G-----	176
CONSENSUS-O	-TG-----c-----c-----gag?ga?-----aa?aca-----a-----?-----?-----agctC-----Gg?-----TT-----?TAT-----a-----gccA-----	957
CONSENSUS-U	-?-----?-----?-----A-----?-----?-----?-----?-----a-----t-----?-----	878
CONSENSUS-CPZ	?T-----AAA?-----?-----?-----?-----C-----?-----?-----?-----T-----C-----?-----?-----?-----A-----?-----GA-----	522
CONSENSUS-A	cagaatGGaAtaaaacttTacaA?aGGTa.....Gcta?acAatTAagaaaa....?acTt	1001
CONSENSUS-B	---a-----c-----a-----c-----a-----t-----A-----g-----?-----?-----?-----c-----a-----	1018
CONSENSUS-C	ata-----g-----a-----a-----?-----g-----a-----A-----gc-----g-----c-----	1011
CONSENSUS-D	-----c-----?-----a-----A-----g-----g-----c?-----cTtc-----	999
CONSENSUS-E	-----a-----g-----g-----a-----c-----a-----ga-----a-----a-----g-----g-----C-----	1056
CONSENSUS-F	-----C-----?-----g-----a-----?-----g-----a?-----ggc-----a-----g-----agtct-----c-----t-----	1028
CONSENSUS-G	?-----a-----t-----?-----g-----g-----t-----G-----ga-----t-----?-----a?-----?-----gc-----?-----C-----a-----g-----?-----at-----	1032
CONSENSUS-H	?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----C-----?-----	208
CONSENSUS-O	-T-----t-----g-----a-----g-----c-----a-----c-----a-----Ac-----?-----ga-----AGg-----ATT-----g-----CTtg-----	1009
CONSENSUS-U	-?-----?-----?-----c-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----	924
CONSENSUS-CPZ	?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----A-----?-----	542

## HIV1 ENV CONSENSUS

CONSENSUS-A	t?????????aAcaaaaaca.....?????ataatcTTtgctaac...?cctcaGGaGGGAT	1040
CONSENSUS-B	....ggg----t-----g---aa-c-a??t-----c	1061
CONSENSUS-C	ccct----T-----aa---acca...t-----c	1054
CONSENSUS-D	-----a...aca----t---aacCa...t-----C	1042
CONSENSUS-E	-....aat--T--G-----caaCCA??c-----a--	1099
CONSENSUS-F	c-----tgc-----aa---aactcA...t-----C	1068
CONSENSUS-G	-----?c.....??-----c---aaCTCA...t-tg-----c	1071
CONSENSUS-H	?.....?--?--?-----?-----?ACCA...T-----?--C	236
CONSENSUS-O	A.....--?--t---?????aata?tgTtAcc--g?A-Caa-c?agcAgt???--t--A--	1057
CONSENSUS-U	-....aat--t-g-----?-----aa-tcA??t-----	966
CONSENSUS-CPZ	?.....?--?----?-----??GC-AA--?--?A???A?????...-?----?--A--	564
CONSENSUS-A	?TaGAAaTtacAcAcAtAgtTTTAaTTGTggAgGagaattt..?TTcTAtTGcaataCAtCaggccTgT	1106
CONSENSUS-B	Cc-----gt--tg--c-----g-----c-t-----a--caa---	1128
CONSENSUS-C	c-----c-----a-----aa-----	1121
CONSENSUS-D	cc-----c-----g-----C-----a-a---	1109
CONSENSUS-E	C-----tg--ca-----A-----g-----a-caa---	1166
CONSENSUS-F	C-----tg-----a-----C-----aa---	1135
CONSENSUS-G	C-----a-----t-----a-----	1138
CONSENSUS-H	A?-----?--?--?-----?-----?-----?-----?-----AAA?---	290
CONSENSUS-O	gc--gg-A--ccATtT?ca-----C---CAT-----C...-T-----t-C-----T?-ga--	1122
CONSENSUS-U	a-----C-----?-----?at---	1031
CONSENSUS-CPZ	CC?--?G?--?----?G-----?-----?-----T?--?A??C?????	607
CONSENSUS-A	Tt...AatagcactTGG?a?????????????????.....aatagcact...?????????	1130
CONSENSUS-B	-----t-----?-----?-----?-----?-----g?t---?-----	1150
CONSENSUS-C	-----t--a-ac?-----a-cct-----?-----g-t-a?aa-----	1151
CONSENSUS-D	-----t--a---?-----?-----?-----?-----t-----?-----	1130
CONSENSUS-E	-----at-----catagga-----gaa-catg.....	1198
CONSENSUS-F	-----?a--a????t?-----?-----?-----?-----?-----	1154
CONSENSUS-G	--?-----at-g-?t?-----?-----at---ac?-----	1161
CONSENSUS-H	-----?--T-----?-----?-----?-----?-----?-----T?-----	307
CONSENSUS-O	-----tAT--c-TTtcatgt-----?-----?-----t-ca??t-----	1152
CONSENSUS-U	-----t-----?-----?-----?-----?-----?-----?ggat---..	1056
CONSENSUS-CPZ	?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----C-T?-----A-----	618
CONSENSUS-A	????????ca...?????aat?acac?????????????.....?????gagtcaaatgacactATA	1157
CONSENSUS-B	-----?-----a-----t-----?-----?-----?-----?-----?-----c	1167
CONSENSUS-C	-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----ca?c-c	1162
CONSENSUS-D	-----?-----?-----a?t-----a-----?-----?-----?-----?-----?-----a-c	1145
CONSENSUS-E	....gaggggtgt-----gg-----t-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----C	1219
CONSENSUS-F	.....?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----c	1160
CONSENSUS-G	-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----c	1169
CONSENSUS-H	.AAT-A-A????A-----GG?-----?-----?-----?-----?-----?-----T	323
CONSENSUS-O	-----?-----aa--a-c---gt?-----taAt-at-----?-----a?-----g---?-----a?	1180
CONSENSUS-U	-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----t	1068
CONSENSUS-CPZ	.....?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----G?????-?	623
CONSENSUS-A	act.....ctccaa...TGcAgaATA...AagcaaATTgTaaaATg...TGgCAGagagtaGgacaA.	1211
CONSENSUS-B	--a?????-----c-----?-----a-----a-----c-----?-----ga-----a--.	1221
CONSENSUS-C	--a-----c-----?-----a-----a-----a-----c-----?-----Gag-----g?	1216
CONSENSUS-D	--a-----c-----?-----A-----a-----c-----?-----g-----a--.	1199
CONSENSUS-E	--A-----T-C-----ag---?-----a-----a-----c-----?-----g-----c-----.	1273
CONSENSUS-F	-----c?-----T-----?-----a-----a-----c-----?-----ga-----g-----g.	1214
CONSENSUS-G	--a-----c-----T-----g-----A-----a-----ga-----?-----g-----.	1223
CONSENSUS-H	?A-----G?-----?-----A-----?-----?-----?-----?-----.	371
CONSENSUS-O	?-----a-A-CT-----gt-----gA---g-g-----Gatca-----AT---G-G---gTCG.	1231
CONSENSUS-U	--?-----C-----?-----?-----a-----ga-----?-----?-----.	1118
CONSENSUS-CPZ	-TA.....?-----T-----?-----?-----G-----A-----T-----?-----?-----?-----A?..	657
CONSENSUS-A	..GCaAtgTATgCccCtCCcAtCcaA...gGagtaaTAaggTgTgaatCAAAcAttACaGGacTatT	1276
CONSENSUS-B	.....?-----ag-----ca-----t-----a-----tc-----t-----g-----g-----	1286
CONSENSUS-C	?-----Tg-----Aac-----ca-----a-----t-----c-----	1281
CONSENSUS-D	.....?-----g-----c-----c-aa-----tc-----t-----g-----t-----	1264
CONSENSUS-E	.....?-----T-----agt-----ag-----T-At-----T-----T-----A-----	1338
CONSENSUS-F	.....?-----g-----tgc-----aac-----T-cc-----A-c-----t-----t-----	1279
CONSENSUS-G	.....?-----GC-----AaC-----t-ca-----a-----	1288
CONSENSUS-H	.....?-----A-----?-----AA?-----T-CA-----?-----T-----?-----A-----	432
CONSENSUS-O	...-G-c-c-----a-----?-----tAAcc-----cA-----a?-----A-T-----A-GA-tc-	1293
CONSENSUS-U	.....?-----?-----?-----gc-----a?-----t-----ca?-----t-----?-----	1177
CONSENSUS-CPZ	..-G?-----?-----?-----A?-----C?-----?-----AG?-----?-----AA?-----?-----C?-----?-----A?-----T?-----?-----T?-----?	699

## HIV1 ENV CONSENSUS

## HIV1 ENV CONSENSUS

CONSENSUS-A	CATTAACAGCTCCAGCAAGTCCTGGCTGTGGAAAGATACTaaggGAT...CAACAGCTCCTAGGA RRE or CAR ->/	1695
CONSENSUS-B	--c-g-----a-----?.....g-g	1701
CONSENSUS-C	----G-----a-----A-a-----a-----G	1695
CONSENSUS-D	-----a-----a-----	1676
CONSENSUS-E	-----A-----A-t-----	1758
CONSENSUS-F	-----?A-----?-----?	1694
CONSENSUS-G	-----A-----a-----g	1706
CONSENSUS-O	T---G---A---GA---TC-CC-G---A---CT-A---CC-Tta---CA-A---G---A---AaC	1715
CONSENSUS-U	-----GA-AG-----G	1567
CONSENSUS-CPZ	AG-A---A---?---?---?---G---T---?---?---?G---?????---?---?---?G?---C	962
CONSENSUS-A	ATTGGGGcTGCTCTGGaAAacTCATCTGCaCCACTAAcTGTgCCcTGGAACtctAGtTGG.....	1755
CONSENSUS-B	-----t-----t-----gc-----t-----tg-----	1761
CONSENSUS-C	-----gc-----T-----?-----	1754
CONSENSUS-D	-----T-----a-----T-----	1736
CONSENSUS-E	C-----A-----GC-----C-C-----	1818
CONSENSUS-F	C-----	1754
CONSENSUS-G	-----a-----	1766
CONSENSUS-O	C-a-----tAAa-----A-----TA---ATCA---AAAa-----tA?A-CA---??AGGA....	1778
CONSENSUS-U	C-----C-----C-----C-----	1627
CONSENSUS-CPZ	C?-----?---?---?---?G?---?---T?A?---?CG---T---?AA?TC?---?????????	1006
CONSENSUS-A	.....AGt...AATAAaAtCt?a?agtGA?ATATGGgAtAAcATGACcTGGcTgcAAATG	1802
CONSENSUS-B	.....---??-----ctgga?-g---T---?-----a-g-g--	1809
CONSENSUS-C	.....-----c-a-aa---T-----c-gg...?T-GC-----c---A-----	1804
CONSENSUS-D	.....-----g-----CTAgA---g---T---c?-----A-G-G--	1785
CONSENSUS-E	.....-----g-----ttTGAA---g---T---A-C-----a---A-AG---	1868
CONSENSUS-F	.....-----C-gGAG---G---t---?G-----A-G-g--	1803
CONSENSUS-G	.....-----TtT-A---g---t-----A-Ag---	1816
CONSENSUS-O	.....??????a-a-tGAAag---T---c---t-a-A---A-----	1817
CONSENSUS-U	.....-----CTTGGTAACAC-T-----C-TC-----A-G-G--	1677
CONSENSUS-CPZ	?????????????????C-----?-----?-----T?-----A-----A?-----	1035
CONSENSUS-A	GGAtAAAGAAaTtagcAaTTACACAgacaTAATATATAat...CTAAcTGAaGAatCgcagAacCaGCAG	1869
CONSENSUS-B	---a-g-----ga-----ag-t-----c-cc...t-----a-a	1876
CONSENSUS-C	---g-----T-----c-----c-gg...?T-GC-----c---A-----	1871
CONSENSUS-D	---A-G-----ga-----G?t-----c-gc...T-----a-c-----A	1851
CONSENSUS-E	---g-G-----A-Ca-----G-g...A-C-AC-----	1935
CONSENSUS-F	---A-----G-----T-a---GA-----c-GG...T-----?	1869
CONSENSUS-G	---?Gg-----A-----c-Ca-----C-C...-Gc-----?	1881
CONSENSUS-O	---C-C-g---A-a---cgTA-GCTC---c-----G?...gA---AC-----gG-A---AG-a-a---	1883
CONSENSUS-U	---G-----C-AG-----GGG...T-GC-----C-A-A-A-----	1744
CONSENSUS-CPZ	---?-----TT-G?-----?-----G?A?-----?-----?-----?-----T-A?-----?-----G-A?-----?-----A?-----	1076
CONSENSUS-A	GAAAAGAATGAACaaGAcTTaTTGGcATTGGACaAgTGGgcAaaTCTgTGGAAaTTGGTTTgACATatCAA	1939
CONSENSUS-B	-----a-----a---a-t---a-----g-t-----a-----a---	1946
CONSENSUS-C	-----A-----a---t-----A-----gt---aa-----?-----a---	1940
CONSENSUS-D	-----a-----a-----a-----a-----G-t-----ag-----A---	1921
CONSENSUS-E	---C-G-----A-g---t-----G-A-a-----T-a-----G-----A---	2005
CONSENSUS-F	-----A-----A-----A-----G-----	1939
CONSENSUS-G	-----G-----g-----g-----Ag-----	1951
CONSENSUS-O	-----a-----gA-----a-Gc-----AG---A-TG-A---CTC-a-T-----c-----A-T-	1953
CONSENSUS-U	-----G-----A-----T-----C-----A-----T-----G-----C-----G-----A-----	1814
CONSENSUS-CPZ	-G?A?-----?-----A?G?-----?-----?-----A?-----?-----?-----C?-----T?-----A?-----?	1128
CONSENSUS-A	a?TGGCTgTGGTATATAAgaaTATTtaTAATgATAGTAGGAGGctTaATAGGaTTAAAGaATAgTTtTTgC	2008
CONSENSUS-B	-----a-----C-----gg-----t-----	2015
CONSENSUS-C	-----a-----C-----g-----t-----A-----	2009
CONSENSUS-D	-----a-----a-----c-----g-----t-----	1991
CONSENSUS-E	t-----A-----T-----T-----T-----a-----	2075
CONSENSUS-F	-----a-----A-----C-----G-----C-----	2009
CONSENSUS-G	-c-----A-----t-----T-----a-----	2021
CONSENSUS-O	-A-----T-----A-----GC-----C-----CAC-----tg-----G-ta---A-GAT	2023
CONSENSUS-U	-T-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----	1884
CONSENSUS-CPZ	-A-----?-----A-----?-----?-----T-----?-----?-----?-----?A?-----?-----?-----T?-----?-----?	1180
3'sj (minor) \ / \ / 3'sj (minor) \ / 3'sj (major)		
CONSENSUS-A	tGTgcTTtcTaATAAtAGAGTTAGGcAGGGATACTCACCTtTgTCgTTcCAGAcCttaCCc?aC	2076
CONSENSUS-B	---a-----g-g-----a-a-----t-----?cct-----agc-	2084
CONSENSUS-C	-----c-----G-g-----t-----a-----aA-----	2079
CONSENSUS-D	-----t-----G-----t-----C-----a-----t-----ccT-----Agc-	2061
CONSENSUS-E	-----G-----t-----T-----c-----t-----ATC-t	2145
CONSENSUS-F	-----G-----A-----A-----?-----a-----T-----AAG-	2078
CONSENSUS-G	-----G-----a-----a-----?-----?-----ACC--	2090
CONSENSUS-O	A---A---AA-c---G-g---g-ACA-----TCA---CC-C-----a-----T-Cc-t---aaC--	2093
CONSENSUS-U	-----T-----T-----CCT-----AAC-	1954
CONSENSUS-CPZ	A?-----?-----?-----?-----G?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?A?-----?	1221

## HIV1 ENV CONSENSUS

**HIV1 ENV**

**I-A-365  
NOV 95**